



**You have downloaded a document from  
RE-BUS  
repository of the University of Silesia in Katowice**

**Title:** Algorytmy ewolucyjne w projektowaniu fraktalnych wzorów użytkowych

**Author:** Grzegorz Tadeusz Machnik

**Citation style:** Machnik Grzegorz Tadeusz. (2016). Algorytmy ewolucyjne w projektowaniu fraktalnych wzorów użytkowych. Praca doktorska. Katowice: Uniwersytet Śląski

© Korzystanie z tego materiału jest możliwe zgodnie z właściwymi przepisami o dozwolonym użytku lub o innych wyjątkach przewidzianych w przepisach prawa, a korzystanie w szerszym zakresie wymaga uzyskania zgody uprawnionego.



UNIwersYTET ŚLĄSKI  
W KATOWICACH



Biblioteka  
Uniwersytetu Śląskiego



Ministerstwo Nauki  
i Szkolnictwa Wyższego

Uniwersytet Śląski  
Wydział Informatyki i Nauki o Materiałach  
Instytut Informatyki

Grzegorz Tadeusz Machnik

# **Algorytmy ewolucyjne w projektowaniu fraktalnych wzorów użytkowych**

praca doktorska

promotor:

prof. dr hab. inż. Wiesław Kotarski

promotor pomocniczy:

dr Miłosław Chodacki

Sosnowiec 2016

*Rodzicom i siostrze - moim pierwszym nauczycielom.*

*Ukochanej za wiarę i wsparcie.*

*Grzegorz Machnik*

## Spis treści

Wstęp.....	4
Cele pracy.....	5
Teza pracy.....	5
Układ pracy.....	7
Rozdział 1 – Estetyka.....	8
Rozdział 2 – Fraktale.....	15
2.1. System funkcji iterowanych.....	17
2.2. Systemy dynamiczne.....	23
2.3. Zastosowanie fraktali.....	25
Rozdział 3 – Algorytmy genetyczne.....	33
3.1. Wprowadzenie do genetyki.....	33
3.2. Krzyżowanie i mutacja w ujęciu biologicznym.....	36
3.3. Wprowadzenie do algorytmów genetycznych.....	40
3.4. Krzyżowanie w ujęciu algorytmów genetycznych.....	43
3.5. Mutacja w ujęciu algorytmów genetycznych.....	46
3.6. Selekcja.....	49
Rozdział 4 – Adaptacja algorytmu genetycznego oraz funkcji oceny.....	53
4.1. Adaptacja operatora krzyżowania.....	57
4.2. Adaptacja operatora mutacji.....	62
4.3. Czynniki wpływające na ocenę rozwiązań.....	64
4.3.1. Wymiar pudełkowy.....	65
4.3.2. Symetria, rozpiętość, ciągłość.....	66
4.3.3. Funkcja oceny.....	68
Rozdział 5 – Eksperymenty.....	74
5.1. Populacja losowa.....	76
5.2. Operatory krzyżowania.....	80
5.3. Operatory mutacji.....	81
5.4. Operatory krzyżowania i mutacji.....	83
5.5. Działanie algorytmu na pojedynczą populację.....	85
5.6. Badanie wpływu algorytmu genetycznego na różne rodzaje osobników.....	90
5.6.1. Badanie przekształcenia Hopalong.....	90
5.6.2. Badanie przekształcenia QuadrapTwo.....	94
5.6.3. Badanie przekształceń Gumowskiego-Miry.....	97
5.6.4. Badanie fraktali IFS.....	113
5.7. Wpływ liczby iteracji na jakość wizualizacji systemów dynamicznych.....	121
5.8. Badanie wpływu liczby iteracji systemów dynamicznych na kształt fenotypu.....	122
5.9. Wpływ liczebności populacji na jej rozwój.....	126
5.10. Wpływ rodzaju selekcji na rozwój populacji.....	128
Wnioski końcowe.....	137
Bibliografia.....	140



## Wstęp

W dzisiejszych czasach wiele firm przywiązuje dużą wagę do wzornictwa swoich produktów. Często zapotrzebowanie rynku na dany produkt jest nie tylko uzależnione od funkcjonalności, ale także od jego estetyki. Gdy funkcjonalność produktów jest podobna, często decyzję konsumenta warunkuje wygląd produktu, na który składa się nie tylko kształt, ale i różnego rodzaju zdobienia (rys. 1).

Oczekiwania konsumenta podczas korzystania z produktu takiego jak urządzenie elektroniczne lub oprogramowanie określane jest nazwą doświadczenie użytkownika UX (ang. *User Experience*). Odnosi się ono do interakcji między człowiekiem a komputerem i dotyczy funkcjonalności, wygody oraz zadowolenia z pracy [23, 31, 69].



Rysunek 1. Przykład zastosowania zdobień graficznych.

Źródło: Hewlett-Packard

Przykładowo w fazie projektowania współczesnych samochodów dużą rolę odgrywa między innymi projektowanie wspomagane komputerowo CAD (ang. *Computer Aided Design*) oraz komputerowe wspomaganie wytwarzania CAM (ang. *Computer Aided Manufacturing*). Rola projektanta jest istotna, ponieważ decyduje o ostatecznym wyglądzie oraz ergonomii produktu. Dzięki złożonym symulacjom fizycznym możliwe jest przeanalizowanie projektu pod kątem bezpieczeństwa oraz quasi-optimalnego kształtu zmniejszającego opór powietrza. Kwestią decydującą obecnie o akceptacji projektu przez konsumenta jest współgranie wszystkich wymienionych cech.

Na potrzeby badań stworzone zostanie środowisko, które ułatwi i w dużym stopniu zautomatyzuje generowanie wzorów przemysłowych. Szczegółowa definicja wzoru przemysłowego jest zawarta w ustawie z dnia 30 czerwca 2000 r. o prawie własności przemysłowej:

„Art. 102. 1. Wzorem przemysłowym jest nowa i posiadająca indywidualny charakter postać wytworu lub jego części, nadana mu w szczególności przez cechy linii, konturów, kształtów, kolorystykę, strukturę lub materiał wytworu oraz przez jego ornamentację” [63].

Na potrzeby pracy połączone zostały dwie dziedziny: wizualizacja komputerowa oraz algorytmy ewolucyjne.

### Cele pracy

1. Adaptacja algorytmów genetycznych w celu modyfikacji struktur fraktalnych.
2. Opracowanie sposobu oceny walorów estetycznych wygenerowanych wzorów fraktalnych.

### Teza pracy

Algorytmy genetyczne mogą skutecznie optymalizować wartości parametrów przekształceń wykorzystywanych do generowania estetycznych wzorów użytkowych.

Celem pracy jest automatyczne poszukiwanie wzorów fraktalnych o największej wartości estetyki. Formalnie zadanie to można sformułować następująco:

Znaleźć  $\hat{x} \in X \subset R^n$ , takie że

$$F(\hat{x}) = \max_{x \in X} F(x), \quad (1)$$

gdzie  $F: X \rightarrow R$  jest funkcją oceny estetyki wzoru,  $X$  jest przestrzenią rozwiązań dopuszczalnych, a  $\hat{x}$  jest poszukiwanym elementem o maksymalnej wartości funkcji estetyki. Zadania (1) nie można rozwiązać ani metodami analitycznymi ani metodami numerycznymi ze względu na trudność w określeniu funkcji estetyki  $F$  oraz brak dobrej charakterystyki elementów  $x$  należących do zbioru rozwiązań dopuszczalnych  $X$ . W pracy zdecydowano się na znalezienie nieznanej funkcji estetyki metodami statystycznymi na podstawie analizy ocen wzorów testowych dokonanych przez stuosobową grupę respondentów. Jako niezależne cechy wpływające na estetykę wzoru wybrano trzy najbardziej istotne: symetrię, wymiar fraktalny i ostrość krawędzi kształtu, które mają największy wpływ na geometrię wzorów. Pominięto kolor jako element zaszumiący percepcję wzoru przez człowieka w sensie jego nieuprawnionego

wpływu na ocenę geometrii obiektu. Przy tych uproszczeniach w dalszym ciągu zadanie optymalizacyjne (1) nie było możliwe do rozwiązania ani metodami analitycznymi ani metodami numerycznymi ze względu na bardzo dużą wrażliwość wzorów na niewielkie zmiany parametrów. Zadanie optymalizacyjne (1) jest więc niestabilne w tym sensie, że niewielkie zmiany parametrów określających struktury fraktalne wywołują bardzo duże zmiany kształtów wzorów.

Tego typu problemy można próbować rozwiązywać za pomocą metod ewolucyjnych, które ze swojej natury nie wymagają precyzyjnej wiedzy dotyczącej specyfiki rozwiązywanego zadania. W algorytmach ewolucyjnych wystarczy ukierunkować przeszukiwanie zbioru dopuszczalnych rozwiązań przez wartościowanie funkcji oceny poszczególnych osobników, reprezentujących obiekty geometryczne. Zaproponowana postać funkcji oceny, wynikająca z analizy wspomnianych badań statystycznych, steruje rozwojem populacji rozwiązań w kierunku zwiększenia wartości funkcji oceny osobników. Z tego względu zaproponowane podejście wydaje się właściwe, a przebieg doświadczeń i analiza wyników pozwala stwierdzić o słuszności podjętych założeń co do wyboru metody optymalizacji. Trzeba zauważyć, że algorytm ewolucyjny działa na populacji rozwiązań, a więc może dostarczyć wielu dobrych wyników o zupełnie różnej – i być może nieoczekiwanej – geometrii obiektów. Warto zaznaczyć, że w wielu projektach naukowo-technicznych wykorzystywano heurystyki ewolucyjne pomimo braku silnych podstaw matematycznych takich metod. Praktyka jednak wskazuje na ich efektywność w rozwiązywaniu problemów, nawet tych nie do końca definiowalnych [24, 48].

W pracy zaproponowano badania eksperymentalne przy wykorzystaniu różnych typów operatorów genetycznych, selekcji osobników i reprodukcji. Zbadano wpływ parametrów genetycznych algorytmu na jego zbieżność. Ostatecznie wygenerowano wzory geometryczne o nietrywialnej strukturze i estetycznych walorach, co stanowiło cel pracy. Tym samym wykazano słuszność przyjętych rozwiązań, co do sposobu modelowania postaci funkcji celu oraz metody optymalizacji.

Praca obejmuje określenie cech oraz algorytm ich wyekstrahowania pozwalający na w pełni automatyczne generowanie estetycznych wzorów fraktalnych, zgodnie z wartościowaniem tych cech, naśladując, w uproszczeniu, percepcję człowieka. W skład pracy wchodzi badania fraktali oraz systemów dynamicznych pod względem wizualnym, próby sformalizowania istotnych, z punktu widzenia percepcji człowieka, cech, które opisują strukturę

fraktali, a także określenie ich parametrów. Za pomocą tych parametrów z dużej liczby wzorów fraktalnych możliwe jest wyłonienie struktur ukazujących swą budowę, dla przeciętnego człowieka, piękno.

## Układ pracy

Rozdział 1. przybliża pojęcie estetyki. Przedstawia etymologię słowa oraz próby jej sformalizowania. Zawiera przegląd literatury związanej z tym zagadnieniem. Prezentuje subiektywizm pojęcia estetyki i problem jednoznacznego jej określenia. W skład rozdziału wchodzi analiza dzieł z zakresu filozofii skupiającej się na tematyce estetyki oraz istoty piękna.

Rozdział 2. opisuje pojęcie wzorów użytkowych. Uwaga zwrócona jest na struktury fraktalne, jakimi są systemy dynamiczne oraz fraktale generowane za pomocą IFS (ang. *Iterated Function System*). Przedstawiona zostaje historia odkrycia fraktali oraz sposób ich tworzenia. W skład rozdziału wchodzi część związana z zastosowaniem praktycznym struktur fraktalnych. Rozdział zawiera przegląd literatury związanej z postawionym w rozprawie problemem.

Rozdział 3. zawiera opis działania algorytmów genetycznych, które są jedną z odmian algorytmów ewolucyjnych. Przedstawiono tu biologiczne procesy z zakresu genetyki, na kanwie których powstały algorytmy genetyczne. Zaprezentowane zostają różne modyfikacje tego typu algorytmów, których zachowanie ma swoje źródło w naturze albo jest zupełnie sprzeczne z zasadami obowiązującymi w przyrodzie. W jednym z podrozdziałów poruszony został temat zapisu fraktali w sposób właściwy dla algorytmów genetycznych. Sposób kodowania jest najistotniejszym z problemów, jakie musiały zostać rozwiązane przed przystąpieniem do badań.

Rozdział 4. przedstawia adaptacje operatorów krzyżowania oraz mutacji będących źródłem populacyjnych zmian w algorytmach genetycznych. W rozdziale opisana jest propozycja stworzenia oceny wizualnej wzorów użytkowych w oparciu o te cechy, które można zapisać w sposób formalny. Opisane zostały cechy, których właściwa ewaluacja pozwala wskazać algorytmowi genetycznemu pożądany kierunek modyfikacji. Jeden z podrozdziałów przedstawia badania statystyczne, które pozwoliły stworzyć funkcję oceny wzorów użytkowych.

Rozdział 5. przedstawia wyniki badań nad modyfikacją struktur fraktalnych za pomocą algorytmów genetycznych. Wyniki doświadczeń zostały opatrzone dokładnym opisem przebiegu badań i zostały zwieńczone wnioskami.

## Rozdział 1 – Estetyka

Smak (w języku hiszpańskim *gusto*) był tematem wielu dzieł filozofów sztuki, którzy chcieli odnaleźć zasady, jakimi kieruje się człowiek w jej odbiorze. Mimo iż funkcjonowanie zmysłów u każdego człowieka jest analogiczne, odbiór konkretnych dzieł sztuki może być odmienny. Istnieją jednak pewne podobieństwa w odbiorze dzieł wśród ludzi nie związanych ze sobą kulturowo.

Subiektywizm smaku można przedstawić na przykładzie twórców sztuki takich jak Johann Sebastian Bach, William Shakespeare czy Michelangelo Buonarroti. Twórcy ci uznawani są za wybitnych artystów na całym świecie, bez względu na pochodzenie opiniujących ich ludzi. Stanowi to konsensus smaku, który nie jest związany z pochodzeniem kulturowym.

Istnieje duża różnorodność w osobistym pozycjonowaniu konkretnych twórców [25]. Związane jest to z preferencjami indywidualnymi człowieka, a skutkuje to uznaniem wyższości jednego twórcy nad drugim. Należy zauważyć, że niekwestionowane są dzieła wybitnych kompozytorów, którzy nie spełniają osobistych preferencji muzycznych odbiorcy. Tego rodzaju różnorodność mieści się w tak zwanym kompromisie smaku. Mało prawdopodobne jest to, aby gust tak dużej liczby indywidualności w różnych kulturach był przypadkowo zbieżny w tak dużym stopniu.

Podstawowym problemem dotyczącym przeżyć estetycznych jest niemożność przekazania tych kryteriów słowami lub pojęciami. Szereg badań psychologicznych, które miały określić elementy składowe doznań estetycznych, nie zbliżyły się do poznania zasad działania smaku oraz jego obiektywizmu. Dowiodły one jednak różnych zależności np. faworyzowanie niebieskiego koloru nad innymi, bez względu na pochodzenie i kulturę, z jakiej badana osoba się wywodzi [13]. Jedynym opisywalnym w prosty sposób kryterium odnoszącym się do sztuki jest sąd wartościujący. Ogranicza się on jednak do indywidualnej oceny dzieła przez konkretną osobę. „Sztuka żyje przez jej przeżywanie, a przeżywanie polega na jej (...) estetycznej ocenie. Ocena pojawia się jako rezultat i odpowiedź pochłaniając swoje przyczyny i pytania” [25].

Sztuka przez niektórych artystów ignoruje estetykę uznając ją za zbyteczną, a nawet niepożądaną. Marcel Duchamp, twórca nurtu o nazwie Ready Mades, uważał, że „dzieło sztuki nie powinno pociągać estetycznie. Nie powinno być nastawione na zdobycie poklasku przyszłych pokoleń. Nie powinno dążyć do bycia gustownym, bowiem gusty zawsze się

zmieniają” [38].

Na przestrzeni dziejów próbowano opisać, czym cechuje się piękno. Platon pisał w jednym ze swych dzieł, że „służba muzom powinna prowadzić do kochania piękna” [38], a jedna z koncepcji piękna pochodząca od Pitagorasa, którą przyjął Platon, brzmiała: „piękno jako harmonia i proporcja części” [19]. Leonardo da Vinci uważał, iż „najbardziej godne pochwały [jest] to malarstwo, które wykazuje największą zgodność z rzeczą odtwarzaną” [19]. W XVI wieku uznawano, iż „piękne jest to, co harmonijne” [19] i odnosiło się to do sztuki klasycznej. Dwa wieki później Charles Batteux, twórca pojęcia „sztuki piękne”, uznał, że naśladowanie natury jest wspólnym zadaniem sztuk i stanowi właściwą ich definicję. Jeżeli uznałoby się powyższe zdanie za aksjomat opisujący piękno, chociaż to dosyć odważne stwierdzenie, należałoby również zauważyć, że wiele struktur fraktalnych można odnaleźć w twórcach przyrody.

Jednym z kanonów piękna sztuki klasycznej była symetria, o której tak pisał Heraklit: „Jeżeli istnieją we wszechświecie przeciwieństwa, pewne byty, które nie idą ze sobą w parze (...) harmonia pomiędzy owymi biegunami nie realizuje się poprzez zniesienie jednego z nich i jego unieważnienie, ale dzięki pozwoleniu obu na istnienie w ciągłym wobec siebie napięciu. Harmonia nie jest nieobecnością, ale równowagą sprzeczności” [19]. Powstała w ten sposób koncepcja równowagi pomiędzy dwiema przeciwnościami dająca w rezultacie, na poziomie stosunków wizualnych, symetrię.

Estetykę trudno określić liczbowo, ponieważ jej natura jest metafizyczna (gr. *meta* – ponad, poza) i uniemożliwia to jednoznaczny jej opis. Charakterystykę estetyki można przybliżyć w oparciu o dzieła sztuki, posiadające pewne cechy wspólne. Część cech można opisać, co umożliwia odnalezienie i określenie ich wartości w różnych formach wizualnych.

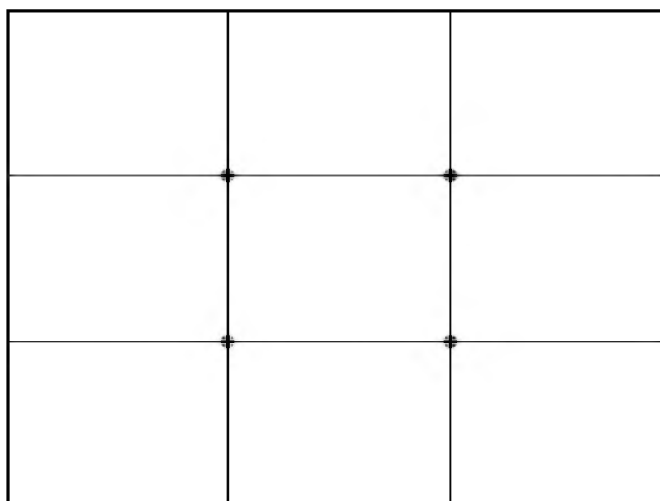
Malarstwo jest dziedziną zbyt rozległą i różnorodną, aby można było na jej podstawie formalizować zasady tworzenia dzieł, zwłaszcza że nowo powstałe nurty na przestrzeni wieków świadomie łamały narzucone wcześniej bariery. Fotografia jest sztuką wizualną, która podobnie jak muzyka, opiera się na zestawie sformalizowanych zasad, które tworzą właściwą kompozycję.

Przed omówieniem konkretnych zasad kompozycji obrazu, które mogą być przydatne w określeniu estetyki wzorów, należy zastanowić się, w jakim stopniu wybrane zasady są uniwersalne. Ukształtowanie człowieka względem kultury, z jakiej się wywodzi, jest istotne. Mimo znacznej globalizacji w dzisiejszych czasach, która powoli zaciera odmienność kulturową,

istnieją wciąż duże różnice u podstaw.

Europa i Ameryka dysponuje podobnym słowem pisanym w porównaniu z częścią Azji, która komunikuje się pismem japońskim lub chińskim, a dokładniej wieloma jego dialektami. Najistotniejszą różnicą, związaną z postrzeganiem wizualnym, jest orientacja tekstu. Kultura Starego Kontynentu oraz Ameryki, posługuje się słowami pisanymi od lewej do prawej w poziomie, natomiast w Chinach tradycyjny sposób pisania polega na pisaniu w pionie od góry do dołu, od prawej do lewej. Pozostaje jeszcze język arabski, gdzie słowa są zapisywane w poziomie od prawej do lewej.

Orientacja pisma ma duży wpływ na analizowanie obrazu, a co za tym idzie różne kultury podzielone zgodnie z tymi zasadami będą obserwować ten sam wzór w odmienny sposób. Europejczycy oglądając obraz wykorzystują sposób nabyty w czasie nauki pisania i przeglądają zaczynając od góry wierszami poziomymi. Przypomina to literę „Z”, ale punktem początkowym nie jest lewy górny róg obrazu, ale najczęściej mocny punkt obrazu. Miejsce położenia mocnych punktów obrazu można łatwo określić przecinając obraz dwiema równoległymi liniami w poziomie i w pionie, będącymi w równej odległości między sobą i krawędzią obrazu, jak ukazane zostało to na rys. 2. Podział tego typu nazywany jest w fotografii trójpodziałem.



Rysunek 2. Trójpodział z zaznaczonymi mocnymi punktami obrazu.

Sposób postrzegania obrazu ma duży wpływ na tworzenie kompozycji filmowej. W kulturze europejskiej kierunek ruchu postaci z lewej strony ekranu w stronę prawej krawędzi jest bardziej naturalny, sprawia wrażenie ruchu prostszego i mniej męczącego. Odwrotność tej sceny wywołuje wrażenie większego trudu. Jest to jeden z przykładów, który ma podobne zastosowanie w przypadku filmowania wody i innych dynamicznych elementów stosowanych w kinematografii. Na tej samej zasadzie tworzone są dwuwymiarowe gry platformowe, w których postać porusza się w prawą stronę, a zmianę orientacji stosuje się jako formę utrudnienia.

Najbardziej elementarną teorią budowania kompozycji zdjęcia jest przestrzeganie zasady złotego podziału. W fotografii często stosowane jest nazewnictwo „podział harmoniczny”, ponieważ prowadzi on do osiągnięcia równowagi między napięciem obrazowym a proporcją [29]. Boskim podziałem, bo i z taką nazwą można się spotkać, określa się stosunek dwóch długości  $a$  i  $b$ , taki że:

$$\frac{a+b}{a} = \frac{a}{b}. \quad (2)$$

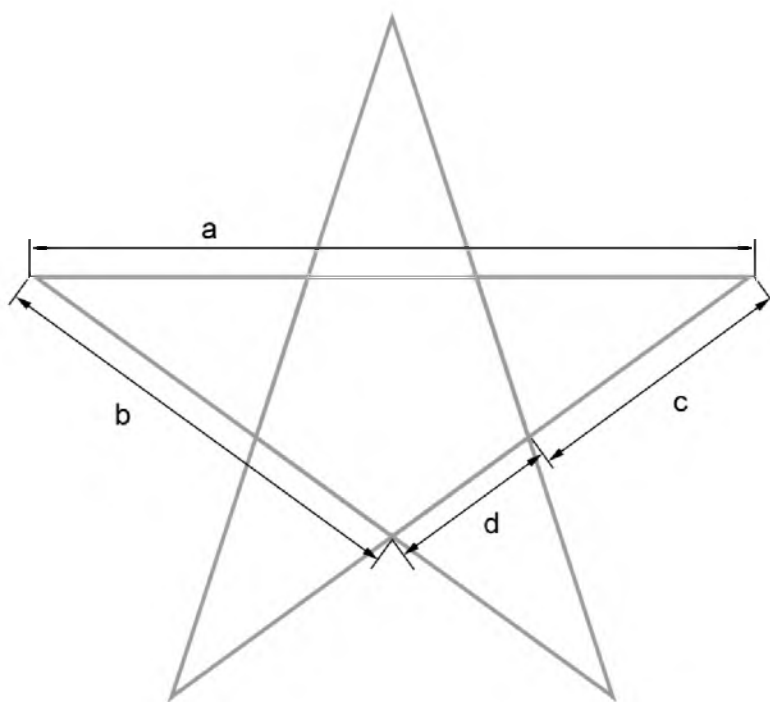
Matematycznie rzecz ujmując, jest to podział odcinka na dwie nierówne części  $a$  i  $b$ , z których część dłuższa  $a$  jest w takiej samej proporcji do krótszej  $b$  jak cały odcinek do dłuższej jego części (2). Złotą liczbę oznaczoną symbolem  $\varphi$  wylicza się ze wzoru (3). W fotografii przyjmuje się przybliżenie złotego podziału jako proporcji 5:8 (1,625).

$$\varphi = \frac{1+\sqrt{5}}{2} \approx 1,618 \quad (3)$$

Proporcja złotego podziału to jedna z najważniejszych stałych matematycznych obok liczby  $\pi$ . Najlepszym przykładem na przedstawienie proporcji złotego podziału jest pentagram, który, jeżeli jest stworzony na bazie pięciokąta foremnego, przedstawia swymi ramionami podział harmoniczny, jak na rys. 3, zgodnie ze wzorem:

$$\varphi = \frac{a}{b} = \frac{b}{c} = \frac{c}{d}. \quad (4)$$





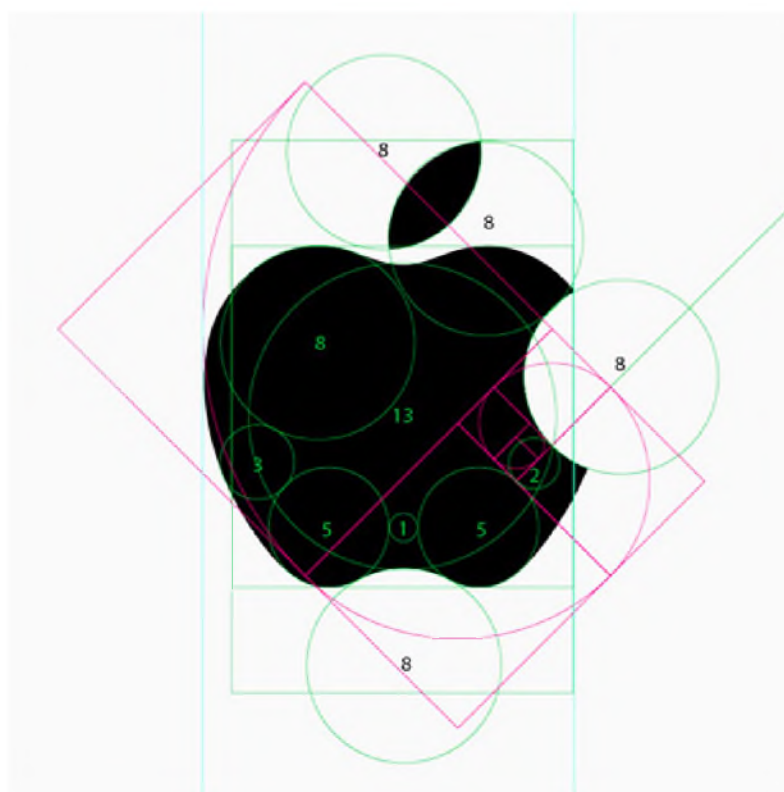
Rysunek 3. Złoty podział zawarty w pentagramie.

Dokładność złotego podziału nie musi być idealna, gdyż percepcja człowieka dopuszcza pewne odstępstwo od tej wartości, jednakże w dużej mierze jest to zależne od skali, do której proporcja się odnosi.

Złoty podział wykorzystuje się często podczas projektowania stron internetowych oraz znaków towarowych (rys. 4, 5, 6). Najbardziej znane przykłady to logo firmy Apple, logo koncernu paliwowego BP oraz producentów samochodów takich jak Toyota oraz Hyundai. Rysunek ptaka w logo Twittera również opiera się na kręgach, których proporcje są zgodne ze złotym podziałem. Ten sam podział można zaobserwować w architekturze i obrazach (rys. 7) [2].

Podsumowując, nie sposób określić zasad rządzących estetyką, ponieważ gust estetyczny to osobista, subiektywna ocena dzieła dokonana przez każdego człowieka. Zmusza to do wykonania projektu w taki sposób, aby warunki początkowe zostały częściowo narzucone przez użytkownika, dzięki czemu kolejne etapy działania narzędzia projektowego będą zbliżały się do optimum oczekiwanego przez odbiorcę. Istnieje również możliwość wygenerowania czegoś

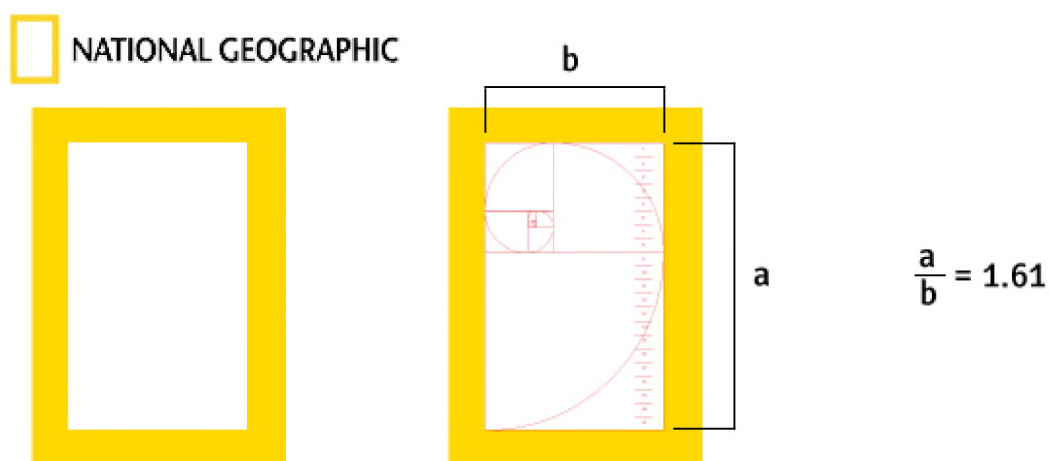
nieoczekiwanego, ale poszukiwanego i nieokreślonego na początku, ze względu na trudność opisu doskonałości rozumianej przez użytkownika. Inny sposób nie daje możliwości określenia cech, które użytkownik uznaje za estetyczne, a które zupełnie wyklucza, bądź dopuszcza w mniejszej skali, która też jest subiektywna.



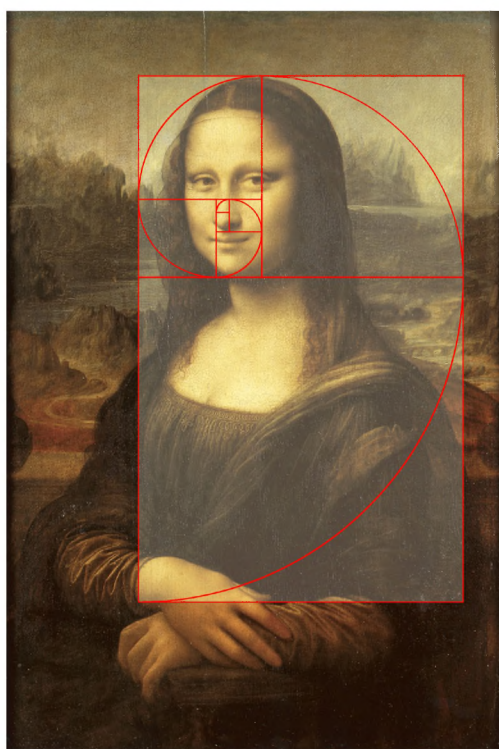
Rysunek 4. Przykład zastosowania złotego podziału w logo firmy Apple.



Rysunek 5. Przykład zastosowania złotego podziału w logo napoju Pepsi.



Rysunek 6. Przykład zastosowania złotego podziału w logo czasopisma National Geographic.



Rysunek 7. Złoty podział na obrazie Leonarda da Vinci Mona Lisa.

Kluczem do rozwiązania problemu może być badanie statystyczne, które wskaże upodobanie do konkretnych cech większej liczby, spośród przebadanej grupy, osób.

## Rozdział 2 – Fraktale

Wzory naturalne można wizualnie reprezentować dużą liczbą figur geometrycznych. Aby stworzyć koronę drzewa należałoby stworzyć liczbę kopii tego samego modelu wiązek przewodzących liścia zmodyfikowanego przekształceniami afinicznymi, aby dopasować go dobrze do struktury i ułożenia gałęzi. W przypadku odwzorowania jednego drzewa jest to czasochłonne zadanie nawet z wykorzystaniem graficznych symulacji systemów cząsteczkowych tworzących chmurę obiektów. Do stworzenia całego lasu rozsądniej i prościej można wykorzystać fraktale w postaci m.in. L-systemów [64].

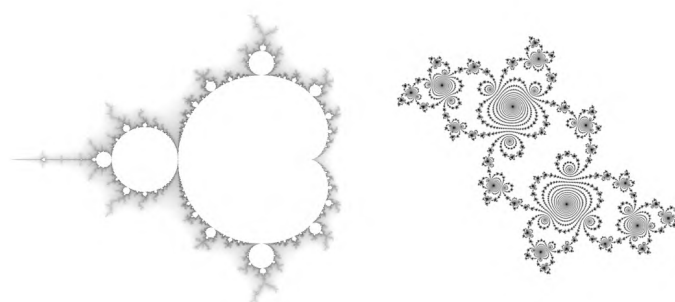
Przed określeniem, czym jest fraktal, należy przybliżyć pojęcie atraktora. Biorąc jako przykład idealną równię pochyłą, po której stacza się kula, jej atraktorem jest punkt, w którym kula zakończy swój ruch. W przypadku wahadła, na które nie działa żaden opór, atraktorem będzie krzywa, która odzwierciedla jego drogę.

Pojęcie dziwnego atraktora wprowadziło dwóch matematyków Ruelle i Takens [75]. Słowo „dziwne” zostało wprowadzone z tego powodu, że tego typu atraktory różnią się zasadniczo od pozostałych. Klasyczne atraktory są obszarami, do których dążą współrzędne punktów wyliczonych długookresowo z równań liniowych. Dziwny atraktor to „obszar przestrzeni fazowej, stanowiący sposób matematycznego opisu długookresowego zachowania układu chaotycznego” [75]. Fraktal jest dziwnym atraktorem.

Słowo „fraktal” pochodzi od łacińskiego słowa *fractus*, które oznacza „połamany”. Wprowadził je około roku 1975 Benoît Mandelbrot, francuski matematyk urodzony w Warszawie, uznawany za twórcę geometrii fraktalnej. Uznał on, iż nazwa ta pasuje do postrzępionych i nieregularnych struktur geometrycznych. Odkrył również obecnie najbardziej rozpoznawalny i nazwany jego nazwiskiem fraktal (rys. 8) [47].

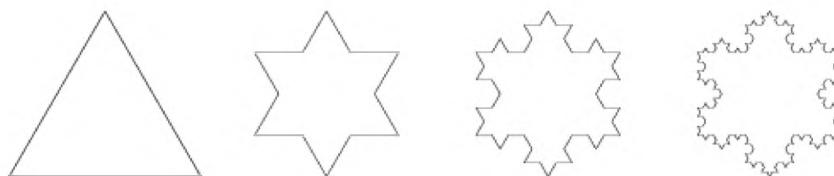
Wcześniej podobnymi anomaliami geometrycznymi zajmował się Gaston Julia, który w 1918 roku opublikował artykuł opisujący iteracje funkcji zespolonej i własności fraktala, który w ten sposób został stworzony [34]. Później fraktal (rys. 8) został nazwany jego nazwiskiem i zobrazowany dopiero przy użyciu komputera w firmie IBM.

Najbardziej zauważalną cechą fraktala jest samopodobieństwo. Oznacza to, że dowolny wycinek fraktala przypomina całą strukturę. Podobnie, kilka różnych wycinków jest do siebie podobnych.



Rysunek 8. Zbiór Mandelbrota (po lewej) i zbiór Julii (po prawej).

Kolejną istotną cechą zbiorów fraktalnych jest nietrywialna struktura w każdej skali. Oznacza to dokładnie tyle, że zbiór fraktalny, a nie tylko jego przybliżona wizualizacja, jest nieskończenie złożony, a tym samym jego skalowanie, w rozumieniu przybliżania dowolnego jego elementu, nie niesie ze sobą uproszczenia formy. Jako przykład można przytoczyć śnieżynkę von Kocha, której pole jest ograniczone, natomiast obwód, jest nieskończony (rys. 9). Dodatkowo wiele fragmentów fraktala przypomina obrys trójkąta, co potwierdza samopodobieństwo.



Rysunek 9. Początkowe iteracje śnieżynki Kocha.

Opis struktury fraktalnej za pomocą geometrii euklidesowej, która do innych złożonych form geometrycznych jest najodpowiedniejsza, w tym przypadku jest niemożliwy. Z tego powodu stosuje się najprostszy sposób opisu fraktali, którym jest rekurencja. W ograniczonej liczbie iteracji, w zależności jednak od nośnika wizualizacji, tworzy ona aproksymację fraktala. Trudność opisu jednej metody i prostota drugiej jest kolejną cechą rozpoznawalną dla zbiorów fraktalnych.

Najbardziej odróżniającą cechą fraktala od innych struktur geometrycznych jest wymiar fraktalny, nazywany również wymiarem samopodobieństwa. Jest to wymiar, jaki obejmuje wzór w przestrzeni. Każdy obiekt geometryczny ma konkretny wymiar przestrzenny. Prosta jest

obiektem jednowymiarowym (1D), trójkąt lub kwadrat są figurami dwuwymiarowymi (2D), sześciąt jest trójwymiarowy (3D), a na przykład hipersześcian jest obiektem znajdującym się w większej liczbie wymiarów przestrzennych ( $>3D$ ) i w trójwymiarowym świecie można przedstawić jedynie jego rzutowanie [35]. Jak można zauważyć wszystkie przedstawione przykłady zajmują wymiary reprezentowane liczbami całkowitymi. W przypadku fraktali ich wymiar nazywa się wymiarem ułamkowym, ponieważ nie jest reprezentowany liczbą całkowitą [27]. Przykładowo krzywa Kocha ma wymiar w przybliżeniu równy 1,26:

$$d = \frac{\log(4)}{\log(3)} \approx 1,26. \quad (5)$$

W celu określenia wymiaru fraktalnego  $d$  należy posłużyć się wzorem (6), w którym  $N$  określa liczbę kopii samego siebie w skali  $s$ :

$$d = \frac{\log(N)}{\log(\frac{1}{s})}. \quad (6)$$

Z początku geometria fraktalna była krytykowana przez środowisko matematyków, ponieważ była odmienna od geometrii euklidesowej, uznawanej dotąd za paradygmat. Geometria fraktalna pozwoliła wyjaśnić wiele problemów z różnych dziedzin nauki.

W związku z powyższymi obserwacjami, fraktalem nazywany jest zbiór:

- samopodobny,
- posiadający nietrywialną strukturę w każdej skali,
- posiadający prostą definicję rekurencyjną,
- którego nie można prosto opisać za pomocą geometrii euklidesowej,
- który posiada ułamkowy wymiar fraktalny.

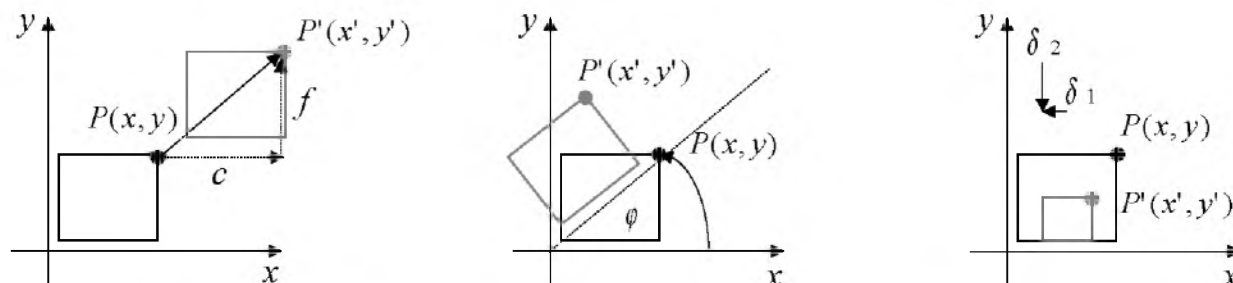
## 2.1. System funkcji iterowanych

System funkcji iterowanych (ang. *Iterated Function System*), zwany w skrócie IFS, jest prostym sposobem zapisu struktur fraktalnych. Przedstawia on zbiór przekształceń afinicznych (7), które należy wykonać, aby otrzymać opisany nimi fraktal (tabela 1).

$$\{X: f_a, f_b, f_c, \dots, f_k\} \quad (7)$$

gdzie  $X$  to przestrzeń,  $f_i$  to  $i$ -te przekształcenie afiniczne.

Przekształceniami afinicznymi są: translacja, rotacja oraz skalowanie (rys. 10).



Rysunek 10. Przekształcenia afiniczne: translacja, rotacja, skalowanie.

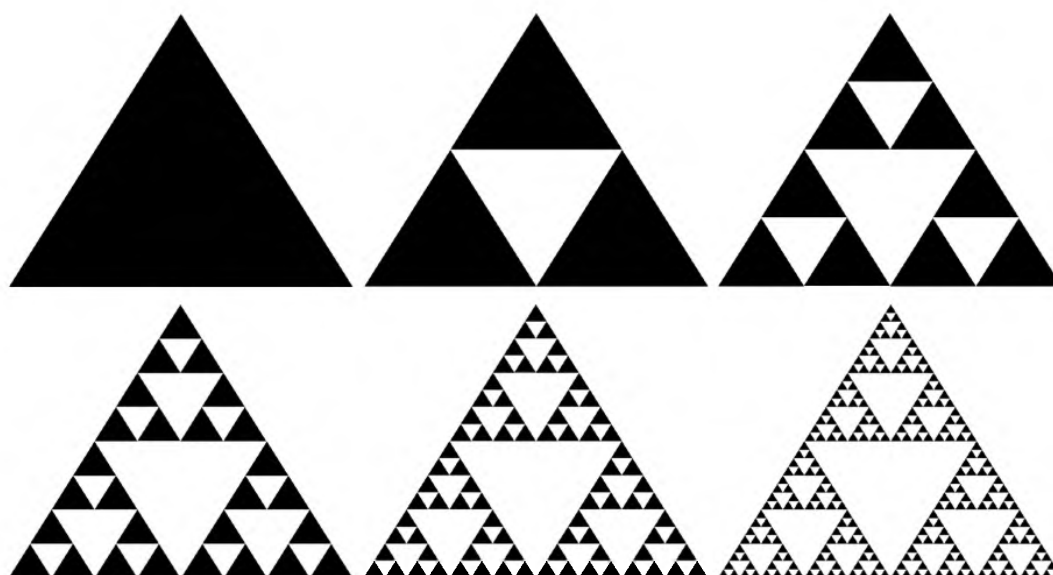
Wizualizację fraktala z wykorzystaniem transformacji IFS można wykonać na kilka sposobów. Pierwszym jest stworzenie struktury fraktalnej za pomocą Kopiarki Wielokrotnie Redukującej (KWR), w której dokładność aproksymacji fraktala zwiększa się wraz z liczbą iteracji [27]. Drugi ze sposobów jest losowy i nazywa się „Grą w Chaos” [8]. Polega ona na tworzeniu fraktala z punktów, a więc w tym przypadku dokładność odwzorowania fraktala jest ściśle powiązana z liczbą stworzonych punktów.

W celu dokładnej demonstracji sposobu tworzenia fraktala za pomocą techniki IFS przedstawiona zostanie w pierwszej kolejności metoda KWR (rys. 11), a następnie „Gra w Chaos” (rys. 12). Dzięki temu będzie możliwe dokładne prześledzenie różnic między oboma algorytmami.

Tabela 1. Zbiór przekształceń IFS dla Trójkąta Sierpińskiego

Rodzaj przekształcenia	Trójkąt pierwszy	Trójkąt drugi	Trójkąt trzeci
Skalowanie względem osi OX	0,50	0,50	0,50
Rotacja lub ścinanie	0,00	0,00	0,00
Rotacja lub ścinanie	0,00	0,00	0,00
Skalowanie względem osi OY	0,50	0,50	0,50
Translacja względem osi OX	0,00	0,50	0,25
Translacja względem osi OY	0,00	0,00	0,35

Wychodząc z trójkąta równobocznego, pierwsza iteracja KWR tworzy trzy kopie figury wejściowej, modyfikując ją zgodnie z tabelą 1. Każda kopia zostaje zmniejszona o połowę względem osi X i Y. Zgodnie z informacjami na temat rotacji (tab. 1) trójkąty nie zostają obrócone.



Rysunek 11. Kolejne iteracje KWR dla Trójkąta Sierpińskiego.

Ułożenie powstałych kopii trójkąta wejściowego względem siebie jest wzorowane na figurze początkowej. Kąt znajdujący się po lewej pierwszego z trójkątów, zgodnie z informacjami opisującymi translację z tabeli 1, znajduje się w punkcie 0 osi X i Y, a więc w miejscu lewego kąta trójkąta początkowego. Drugi z wygenerowanych trójkątów zostaje przesunięty w taki sposób, aby swój róg znajdujący się po lewej miał w punkcie prawego rogu pierwszego trójkąta, a więc w punkcie 0,5 na osi X, dzięki czemu prawy jego kąt znajduje się w miejscu prawego kąta trójkąta początkowego. Ostatni trójkąt zostaje przesunięty w taki sposób, aby jego lewy kąt stykał się z górnym kątem pierwszego trójkąta, czyli zostanie przesunięty o wysokość trójkątów względem osi Y (0,35) oraz o połowę szerokości trójkątów względem osi X (0,25, czyli ćwierć szerokości figury początkowej). Kolejność tworzenia tych trzech trójkątów jest dowolna, ponieważ wynik końcowy jest zawsze taki sam.

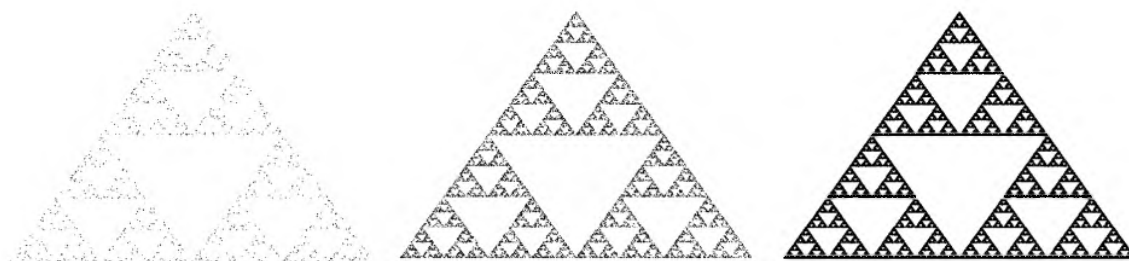
Kolejna iteracja przyjmuje figurę powstałą z poprzedniej iteracji jako wejściową i przeprowadza na niej te same operacje. Z każdą kolejną iteracją przybliżenie fraktala jest coraz dokładniejsze.



Algorytm KWR najlepiej można zobrazować poprzez działanie hipotetycznej maszyny, która tworzy idealne kopie obrazów wejściowych. Jednakże jej struktura została w odpowiedni sposób zmodyfikowana. Wejściowy obraz jest kopiowany przez trzy soczewki zmniejszające o specyficznym ustawieniu. Jeżeli na wejście został podany narysowany na kartce trójkąt, na wyjściu zostaną narysowane trzy trójkąty rozmieszczone, tak jak obrazuje to pierwsza iteracja Trójkąta Sierpińskiego (rys. 12). Dodatkowo maszyna posiada sprzężenie zwrotne, które tworzy kolejne kopie (iteracje) obrazu wyjściowego. Teoretycznie Trójkąt Sierpińskiego można uzyskać dopiero po nieskończonej liczbie iteracji. W praktyce można się ograniczyć do obrazu końcowego, w którym wielkość składowego trójkąta jest równa kropce opisanej rozdzielczością dpi (ang. *Dots Per Inch*).

Metoda, która została nazwana przez Michaela Barnsley'a „Grą w Chaos”, wiąże się z losowością tworzenia punktów składowych fraktala [8]. Odwzorowanie Trójkąta Sierpińskiego tą metodą rozpoczyna się od narysowania obrysu trójkąta, ponumerowania jego wierzchołków oraz obrania dowolnego punktu wewnątrz niego [27]. Wybrany punkt będzie punktem wyjściowym do stworzenia kolejnego punktu. Działanie algorytmu przedstawia poniższy pseudokod, gdzie warunkiem końcowym jest liczba powtórzeń:

```
begin
  if (!warunek końcowy)
    rnd = Random(3) + 1
     $(x_{n+1}, y_{n+1}) = ((x_n, y_n) + (x_{rnd}, y_{rnd})) / 2$ 
    point( $x_{n+1}, y_{n+1}$ )
  end.
```

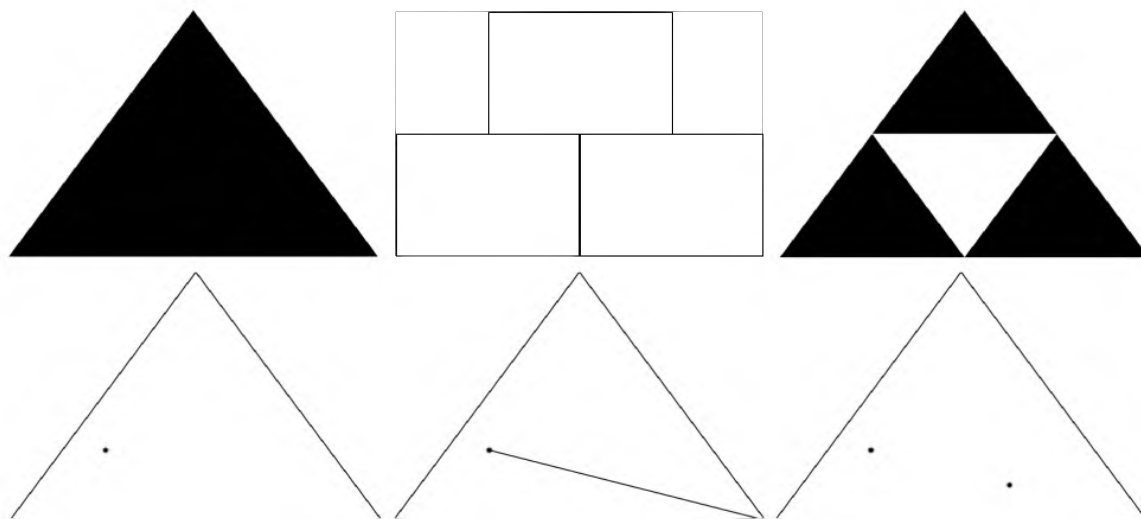


Rysunek 12. Trójkąt Sierpińskiego stworzony za pomocą metody „Gra w Chaos” z 1 000, 10 000 i 100 000 punktów.

Należy wylosować liczbę całkowitą ze zbioru  $\{1, 2, 3\}$  wskazującą jeden z wierzchołków. Przykładowo, wylosowanie wartości „1” narzuca połączenie odcinkiem kąta o tym numerze z punktem wyjściowym. Postępowanie w przypadku wylosowania innej wartości jest analogiczne, to znaczy wylosowana wartość określa wierzchołek, z którym należy połączyć punkt wyjściowy tworząc odcinek. Nowy punkt znajduje się dokładnie w połowie stworzonego odcinka. Po jego odnalezieniu należy go oznaczyć jako nowy punkt wyjściowy, przez co przy następnym losowaniu wierzchołka będzie on tworzył z nim odcinek. W zależności od liczby powtórzeń, a więc od liczby stworzonych punktów, aproksymacja wygenerowanego fraktala jest dokładniejsza.

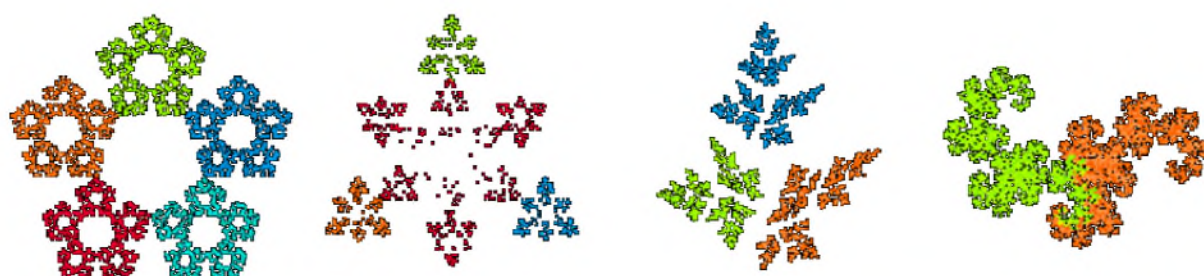
Nawet jeżeli pierwszy punkt wyjściowy nie należał do fraktala, czyli przykładowo znajdował się poza obrysem trójkąta, po kilku lub kilkunastu iteracjach wszystkie kolejne punkty będą wchodzić w skład fraktala zgodnie z twierdzeniem Banacha.

Bez względu na zastosowaną metodę generowania struktur fraktalnych liczba iteracji (KWR) lub liczba punktów („Gra w Chaos”) jest związana z formą i dokładnością prezentacji wizualizacji (rys. 13).



Rysunek 13. Porównanie pierwszej i drugiej iteracji KWR oraz „Gry w Chaos” wraz z momentem przejściowym.

Struktura fraktali różni się w zależności od liczby przekształceń. Taką sytuację obrazuje rys. 14, gdzie każde przekształcenie afiniczne zaznaczone jest innym kolorem. Zauważyć można duże podobieństwo między tymi elementami.



Rysunek 14. Fraktale posiadające (kolejno od lewej) 5, 4, 3 i 2 zestawy przekształceń.

Każdy fraktal IFS, generowany za pomocą „Gry w Chaos”, zawiera dodatkowo prawdopodobieństwo wyboru konkretnego przekształcenia. W przypadku Trójkąta Sierpińskiego, każde z 3 zestawów przekształceń ma to samo prawdopodobieństwo wyboru, które wynosi 1/3.

Tabela 2. przedstawia zestaw przekształceń dla Paproci Barsnley'a. Ostatni wiersz jest odpowiedzialny za prawdopodobieństwo wylosowania konkretnego zestawu przekształceń.

Fraktale metodą „Gry w Chaos” generuje się korzystając ze wzorów:

$$x_{n+1} = x_n a + y_n b + e, \quad (8)$$

$$y_{n+1} = x_n c + y_n d + f. \quad (9)$$

Tabela 2. Zestaw przekształceń dla Paproci Barsnley'a

Współczynniki przekształcenia	Rodzaj przekształcenia	zestaw pierwszy	zestaw drugi	zestaw trzeci	zestaw czwarty
$a$	Skalowanie względem osi OX	0,00	0,85	0,20	-0,15
$b$	Rotacja lub ścinanie	0,00	0,04	-0,26	0,28
$c$	Rotacja lub ścinanie	0,00	-0,04	0,23	0,26
$d$	Skalowanie względem osi OY	0,16	0,85	0,22	0,24
$e$	Translacja względem osi OX	0,00	0,00	0,00	0,00
$f$	Translacja względem osi OY	0,00	1,60	1,60	0,44
$p$	Prawdopodobieństwo wystąpienia	0,01	0,85	0,07	0,07

Parametr  $p$  z tabeli 2. może zostać pominięty, jednakże jest on odpowiedzialny za gęstość punktów z jaką zostanie wypełniona wybrana przestrzeń fraktala. Jak można zauważyć na rys. 15, paproć po lewej, została wygenerowana z zestawów przekształceń wybieranych z tym samym prawdopodobieństwem, podobnie jak wcześniej Trójkąt Sierpińskiego. Paproć po prawej, stworzona została z użyciem prawdopodobieństwa z ostatniego wiersza tabeli 2. Do stworzenia tych dwóch fraktali została wykorzystana ta sama liczba punktów. W przypadku paproci po lewej stronie każda jej część opisana przekształceniem otrzymała tę samą liczbę punktów. Działanie to prowadzi do niewłaściwego odwzorowania fragmentów, które wymagają więcej punktów od pozostałych. Wizualnie wydawać się może, że paproć po lewej stronie na rys. 15 została wygenerowana z mniejszej liczby punktów.



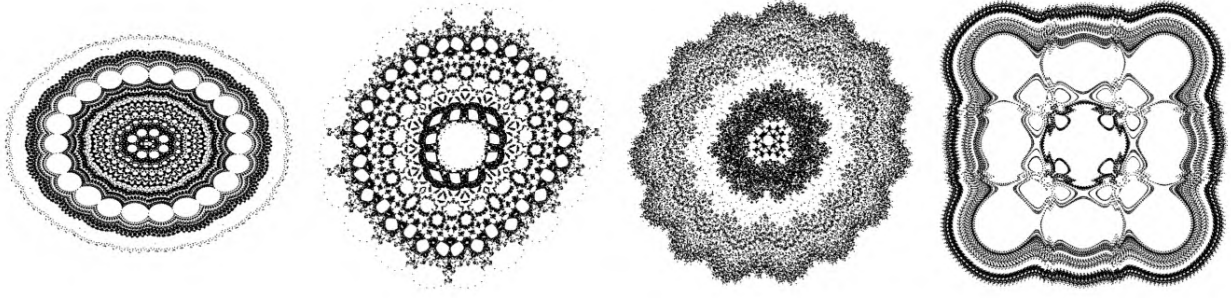
Rysunek 15. Paproć Barnsley'a zbudowana z 100 000 punktów z jednakowym (po lewej) i z różnym prawdopodobieństwem (po prawej).

## 2.2. Systemy dynamiczne

Oprócz fraktali systemy dynamiczne mogą być źródłem interesujących wzorów. Ich wizualizacje przedstawiają orbity, które posiadają takie cechy jak m.in. samopodobieństwo.

Systemem dynamicznym nazywamy przekształcenie  $f : X \rightarrow X$  na przestrzeni metrycznej  $(X, d)$ . Orbitą punktu  $x \in X$  nazywamy ciąg  $\{x_n\}_{n=0}^{\infty}$ , gdzie [22]:

$$x_{n+1} = f^{\circ(n+1)}(x_0) = f(f^{\circ n}(x_0)) = f(x_n). \quad (10)$$



Rysunek 16. Przykłady systemów dynamicznych.  
Od lewej: Gumowski-Mira, Hopalong, ThreePly, QuadrapTwo.

Wykorzystanymi w pracy układami dynamicznymi (rys. 16) są:

– Gumowski-Mira

$$f(x_n) = ax_n + \frac{2(1-a)x_n^2}{1+x_n^2}, \quad (11)$$

$$x_{n+1} = by_n + f(x_n), \quad (12)$$

$$y_{n+1} = f(x_n) - x_n, \quad (13)$$

gdzie  $a \in \mathbb{R}$

– Hopalong

$$f(x_n) = \begin{cases} 1, & \text{gdzie } x_n > 0 \\ 0, & \text{gdzie } x_n = 0 \\ -1, & \text{gdzie } x_n < 0 \end{cases}, \quad (14)$$

$$x_{n+1} = y_n - f(x_n) \cdot \sqrt{bx_n - c}, \quad (15)$$

$$y_{n+1} = a - x_n, \quad (16)$$

gdzie  $a, c \in \mathbb{R}$

– ThreePly

$$x_{n+1} = y_n - f(x_n) \cdot |\sin(x_n)\cos(b) + c - x_n \sin(a+b+c)|, \quad (17)$$

$$y_{n+1} = a - x_n, \quad (18)$$

gdzie  $a, b, c \in \mathbb{R}$

– QuadрупTwo

$$x_{n+1} = y_n - f(x_n) \cdot \sin(\ln|bx_n - c|) \cdot \arctan(|cx_n - b|)^2, \quad (19)$$

$$y_{n+1} = a - x_n, \quad (20)$$

gdzie  $a, b, c \in \mathbb{R}$

– inne.

W literaturze występuje więcej odmian wzorów generujących układy dynamiczne Gumowskiego-Miry.

Konstruowanie systemów dynamicznych opiera się o modyfikacje wartości wybranych parametrów, zgodnie z algorytmami opisanymi w dalszych rozdziałach [37]. Systemy dynamiczne analogicznie jak fraktale IFS są bardzo wrażliwe na modyfikacje. Dla IFS są to modyfikacje zbioru przekształceń, dla układów dynamicznych są to wartości jednego lub kilku parametrów oraz dwuwymiarowego punktu startowego  $(x, y)$ .

Niewłaściwie dobrany algorytm modyfikacji może zniszczyć wizualną strukturę obiektu. Mimo tylko dwóch lub czterech parametrów, w zależności od wybranego systemu dynamicznego, przestrzeń rozwiązań nie jest bardziej ograniczona niż w przypadku fraktali IFS, jedynie różnorodność wzorów jest nieco mniejsza. Cecha ta zwiększa możliwość kontroli niekorzystnych zmian w obrazie, która jest znacznie utrudniona w IFS mających 6 parametrów podlegających modyfikacji.

W przypadku fraktali IFS generowanych za pomocą „Gry w Chaos” punkt początkowy  $(x, y)$  nie wpływa na strukturę fraktala, o ile kilka pierwszych iteracji nienależących do atraktora zostanie pominiętych podczas wizualizacji.

## 2.3. Zastosowanie fraktali

Struktury fraktalne zostały wykorzystane jako rozwiązanie wielu problemów niebędących ściśle powiązanych z matematyką. W biologii udało się wyjaśnić dlaczego masa zwierząt nie przekłada się proporcjonalnie do ilości spożywanego pokarmu. Jest to uzasadnione między innymi czasem, w jakim pokarm w różnej wielkości organizmach jest transportowany do komórek. Ponieważ ewolucja dążyła do zmaksymalizowania zdolności metabolicznych oraz

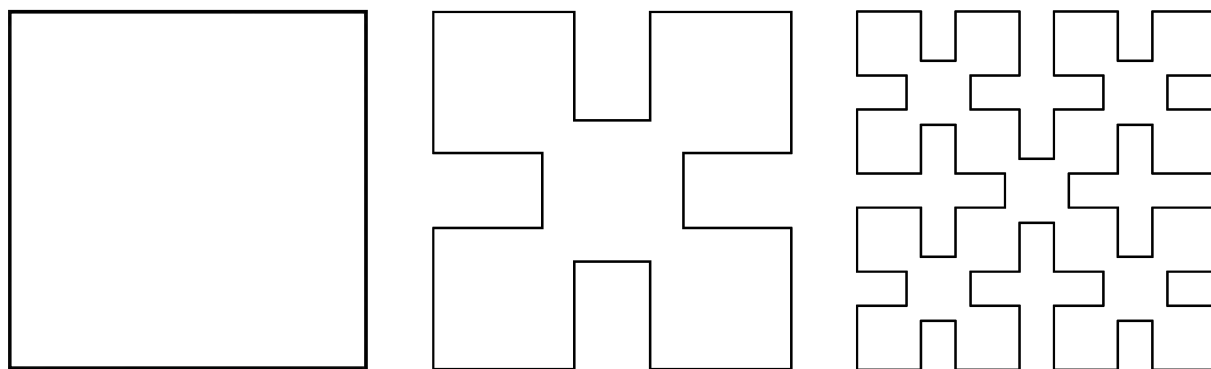
skrócenia czasu transportu okazało się, że struktura fraktalna naczyń krwionośnych jest najbardziej ekonomiczna [73].

Inne badania wykazały, że podczas gdy w zdrowym organizmie układ naczyń krwionośnych przypomina struktury fraktalne, w komórkach rakowych układ ten zostaje zauważalnie zaburzony [7]. „Zmniejszenie się stopnia chaosu w miarę starzenia się organizmu i w stanach chorobowych jest objawem niekorzystnym, świadczącym o osłabieniu zdolności adaptacyjnych” [75].

Badania lasów deszczowych w Kostaryce pozwoliły określić, że rozmieszczenie drzew w terenie zalesionym względem ich wielkości i rozpiętości odpowiada tym samym parametrom w gałęziach pojedynczego drzewa. Ponieważ strukturę drzewa można opisać fraktalnie, naukowcy przypuszczają, że podobnie można postąpić z całym lasem [66].

Biologia jest tylko jedną z dziedzin wykorzystujących geometrię fraktalną. Technikę komunikacyjną zrewolucjonizowała stworzona i opatentowana w 1995 roku przez Nathana Cohena antena fraktalna. Struktura anteny została stworzona na podstawie iteracji „wyspy Minkowskiego” (rys. 17). Mimo niewielkich rozmiarów, konstrukcja posiada bardzo dobre parametry falowe, a jej samopodobna struktura pozwala odbierać szerokie spektrum częstotliwości. Każda część anteny, w zależności od swej długości, jest idealnie dopasowana do konkretnej częstotliwości. Obecnie anteny fraktalne wykorzystywane są w telefonii komórkowej, ponieważ jeden taki element może być odpowiedzialny za połączenia telefoniczne (np. 0,9 GHz lub 1,8 GHz), sieć WiFi (2,4 GHz lub 5 GHz) oraz częstotliwość Bluetooth (2,4 GHz), a do tego ważną cechą jest niewielki rozmiar [18]. W fizyce strukturę fraktalną można zaobserwować w figurze Lichtenberga, która pojawia się w izolatorach pod wpływem prądu o wysokim napięciu.

Poza ściśle naukowymi zastosowaniami fraktali, ich kształt, przypominający zjawiska naturalne, wykorzystuje przemysł efektów specjalnych w kinematografii, łącząc kilka struktur fraktalnych ze sobą i dodając tak zwane domalówki (ang. *matte painting*) w celu uzyskania realnie wyglądających obiektów, tak naturalnych, jak i futurystycznych. Jednym z przykładów może być proces tworzenia efektu lawy w filmie „Gwiezdne wojny: Część III – Zemsta Sithów”, gdzie fraktale zostały wykorzystane przy tworzeniu naturalnie wyglądających tekstur [55].



Rysunek 17. Trzy pierwsze iteracje wyspy Minkowskiego.

Niniejsza praca zwraca się częściowo w stronę sztuki, ponieważ można w niej równie szeroko jak w innych dziedzinach zastosować komputerowo generowane fraktale. Należy więc prześledzić różne dziedziny sztuki doszukując się w nich elementów stworzonych iteracyjnie na długo przed sformułowaniem pojęcia zbiorów fraktalnych. Poszukiwane struktury można znaleźć niezależnie od kultury. Jednym z przykładów mogą być drzeworyty, które stworzył Hokusai Katsushika w 1830 roku. Chodzi tutaj o dzieło „36 widoków na górę Fuji”, w którym artysta musiał sprostać jak najbardziej rzeczywistemu odwzorowaniu natury chmur oraz morskich fal. Obecnie wiadomo, iż natura tych dwóch żywiołów jest fraktalna. Artysta zauważył samopodobieństwo fali i wykorzystywał powielenie oraz odwzorowanie dużych elementów w mniejszych, co na obrazie jest wyraźnie zauważalne (rys. 18).

Można również dopatrywać się struktur samopodobnych w architekturze gotyckiej (XII wiek) oraz barokowej (XVI-XVIII wiek). Najbardziej spektakularnym samopodobieństwem swych łuków cechuje się katedra Notre-Dame (rys. 19) [14, 33].

W artykule [74] autor analizuje obrazy Jacksona Pollocka, jednego z przedstawicieli nurtu zwanego ekspresjonizmem abstrakcyjnym. Obrazy posiadały wymiar fraktalny, obliczony w oparciu o wymiar pudełkowy, a więc przedstawiały one, według autora artykułu, fraktale 25 lat przed ich sformułowaniem. Została też zaproponowana nazwa opisująca tego typu dzieła jako ekspresjonizm fraktalny (*Fractal Expressionism*). W artykule [67] wymienione również zostały trzy źródła fraktali: matematyczny, naturalny i stworzony przez człowieka.

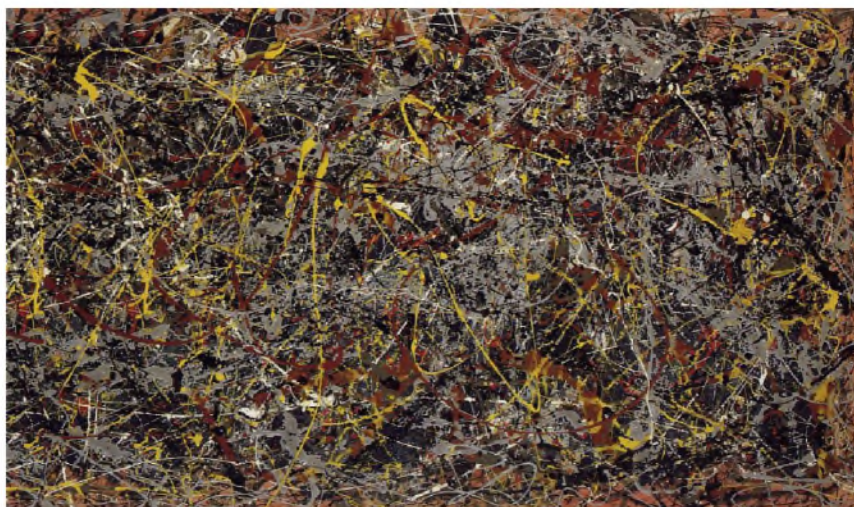




Rysunek 18. Drzeworyt „Wielka fala w Kanagawa”  
z cyklu „36 widoków na górę Fuji”.



Rysunek 19. Katedra  
Notre-Dame w Paryżu.

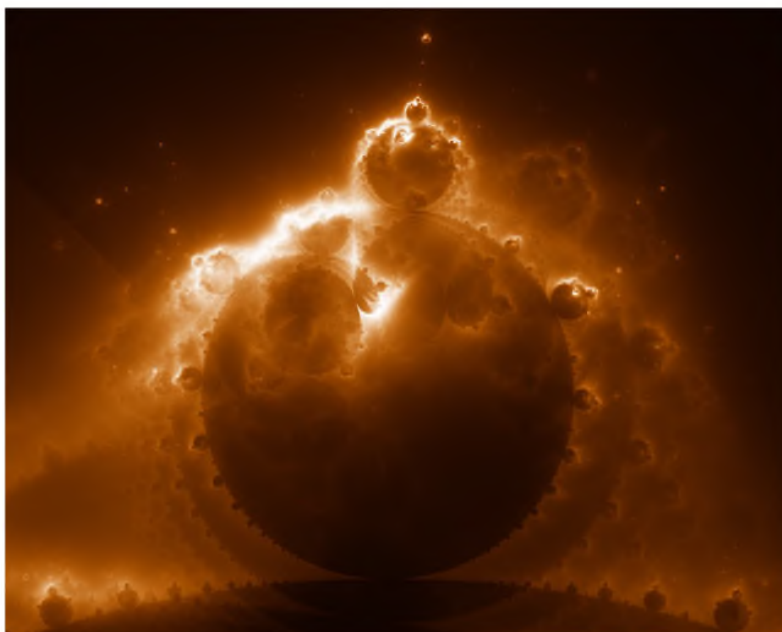


Rysunek 20. Obraz Jacksona Pollocka „Number 5” (1948).

Istnieje grono artystów bezpośrednio wykorzystujących fraktale w tworzeniu sztuki [61]. Jednym z nich jest Janet Perke, która w publikacji [60] dokładnie opisuje fazy powstawania jej dzieł. Na obrazy wykonane przez autorkę składa się kilka wycinków fraktali odpowiednio ze sobą powiązanych. Kerry Mitchell w manifestie [50] opisuje definicję „sztuki fraktalnej”, czyli sztuki opartej na fraktalach generowanych komputerowo. Należy jednak zauważyć, że dużą rolę odgrywa tutaj artysta, który nie pozostawia wszystkich faz tworzenia maszynie, ale kontroluje każdy z etapów (rys. 21). Mitchell porównuje sztukę opartą na fraktalach do fotografii opartej na grze światła i cieni oraz do ruchów tancerki w tańcu.

W artykule [51] napisanym przez oboje wspomnianych wyżej autorów, estetyka obrazów fraktalnych, a w szczególności struktur spiralnych, opiera się na wcześniejszych dokonaniach w sztuce.

Autorki publikacji [15] poprzez studiowanie sztuki w sposób globalny wyciągają konkluzję, iż wszyscy artyści dążą do nieskończoności, która utożsamia piękno. Fraktale w tym przypadku porównywane są ze skrzydłami ptaków, a także z elementami arabskiej architektury. Natura z powodzeniem wykorzystuje struktury fraktalne w żywych organizmach (rys. 22).



Rysunek 21. Kerry Mitchell „Warm Glow”.

Jako „złoty środek”, korzystając z nomenklatury zastosowanej w artykule [15], czyli element łączący klasyczne rozumienie piękna z wymaganiami współczesności, rozumie się „paradygmat samoorganizacji i samopodobieństwa”. Jednym z podanych w artykule warunków piękna jest wykorzystanie, z pewnym ograniczeniem, ciągu Fibonacciego, który jest powiązany ze złotym podziałem.



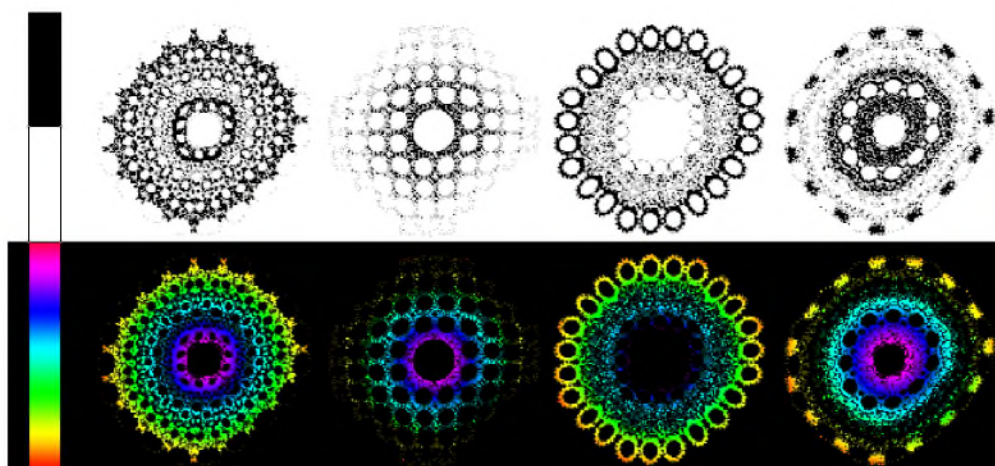
Rysunek 22. Struktury fraktalne w żywych organizmach.  
Kalafior Romanesco (po lewej) i wnętrze muszli (po prawej).



Autorzy publikacji [52] prezentują możliwości kontrolowania algorytmu genetycznego w sposób umożliwiający dążenie do wyników odpowiadających zmysłowi estetycznemu użytkownika. Dotyczy to między innymi wpływu na złożoność. Mimo iż artykuł opisuje wykorzystanie algorytmu genetycznego w tworzeniu muzyki, kryteria estetyczne można częściowo zaadaptować do elementów wizualnych.

Ashlock w artykułach [3, 5, 6] ogranicza badania do zbioru Mandelbrota. Przeszukiwany zbiór jest oparty na wcześniej stworzonych maskach, dzięki którym wyszukiwane jest ich podobieństwo do fragmentów fraktala. Poprzez skalowanie wyodrębniane są fragmenty w dużym stopniu zgodne z maską. W artykule [4] badania zostają rozszerzone na zbiory Julii i w dalszym ciągu przeprowadzane są one w oparciu o maski. W tym przypadku poszukiwanie elementów fraktala jest oparte na podobieństwie do wcześniej wybranej maski. Jest to w pewien sposób narzucenie wyniku, jakiego autor oczekuje.

W publikacjach [26, 59, 67, 70, 71] opisane są metody oceny fraktali w oparciu o wymiar fraktalny, który jest najbardziej oczywistym, pod względem matematycznym, sposobem oceny struktury fraktala. Publikacja [26] poza badaniem złożoności struktury, związana jest z wpływem kolorów i gładkich przejść pomiędzy nimi. Efekt kolorowania można zaobserwować na rys. 23.



Rysunek 23. Przedstawienie wzorów w monochromatycznej (u góry) i kolorowej (na dole) paletce barw.

Można zaobserwować, że kolor wpływa pozytywnie na odbiór wzorów, jednakże może wpływać również na ocenę samego kształtu. Inaczej ocenione będą wzory o mniej złożonej paletce kolorów, a także sam kolor będzie wpływać na odbiór konkretnego wzoru. Jako przykład można podać badania opublikowane w [13], które pokazują, że większość osób faworyzuje kolor niebieski. Dodatkowo płeć obserwatora również ma wpływ na odbiór konkretnych kolorów, co zostało przedstawione w publikacji [36]. Część osób może wykazać, że bardziej odpowiadają ich gustom fraktale o tonacji cieplej (odcienie czerwone i pomarańczowe), inna część preferuje tonację zimną (odcienie niebieskie i zielone). Nie należy również zapominać, że kolory mogą wpływać na emocje obserwatora, co zostało opisane w artykule [62]. Z tego efektu korzysta między innymi malarstwo, fotografia i kinematografia.

Opierając się na paletce kolorów dobierane są również wzory złożone z kilku ich rodzajów, jak jest to zaprezentowane w publikacji [54]. W tym przypadku na odbiór może wpływać dobór konkretnych wzorów jako kompozytu. Inaczej wygląda ocena obrazów prezentowanych niezależnie, a inaczej gdy prezentowane są jako kompozycja. W takim przypadku zestaw złożony tylko z wysoko ocenionych kształtów niekoniecznie będzie reprezentował się najlepiej. Czasem kompozycje złożone z wysoko ocenionych fraktali dopełnia kontrast w postaci wzorów nisko ocenionych, a więc zachowana jest, cytując Heraklita, „równowaga sprzeczności”.

W części publikacji [59, 70, 71] poza wymiarem fraktalnym podawane są inne cechy wizualne. Jest to symetria, spójność oraz złoty podział. Jako wyznacznik piękna uznana została cecha zwartości i łączności. Było to związane z wykorzystaniem wzorów do tworzenia biżuterii, gdzie technologiczne ograniczenie narzuca powyższe cechy.

Artykuł [17] w procesie wytwarzania rzeczy o charakterze fraktalnym jako jeden z podstawowych celów stawia sobie wymóg oceniania ich przez człowieka. Z kolei algorytm stworzony na potrzeby niniejszej pracy działa w pełni automatycznie, dzięki czemu żaden jego etap nie wymaga udziału użytkownika.

## Rozdział 3 – Algorytmy genetyczne

Algorytmy genetyczne są jednym z typów algorytmów ewolucyjnych. Nie przypadkowo nazwa ma związek z genetyką, czyli dziedziną biologii zajmującą się badaniem dziedziczności i zmienności organizmów. Działanie algorytmów jest wzorowane na procesach zachodzących w komórkach żywych organizmów. Za twórcę algorytmów genetycznych uznawany jest John Henry Holland, profesor psychologii oraz informatyki na uniwersytecie w Michigan [30]. Aby lepiej zrozumieć działanie algorytmu genetycznego, należy zapoznać się z podstawowymi informacjami z zakresu genetyki. Procesy, których działanie jest, z pewnym uproszczeniem, odwzorowane w algorytmach genetycznych, zostały opisane w poniższych podrozdziałach.

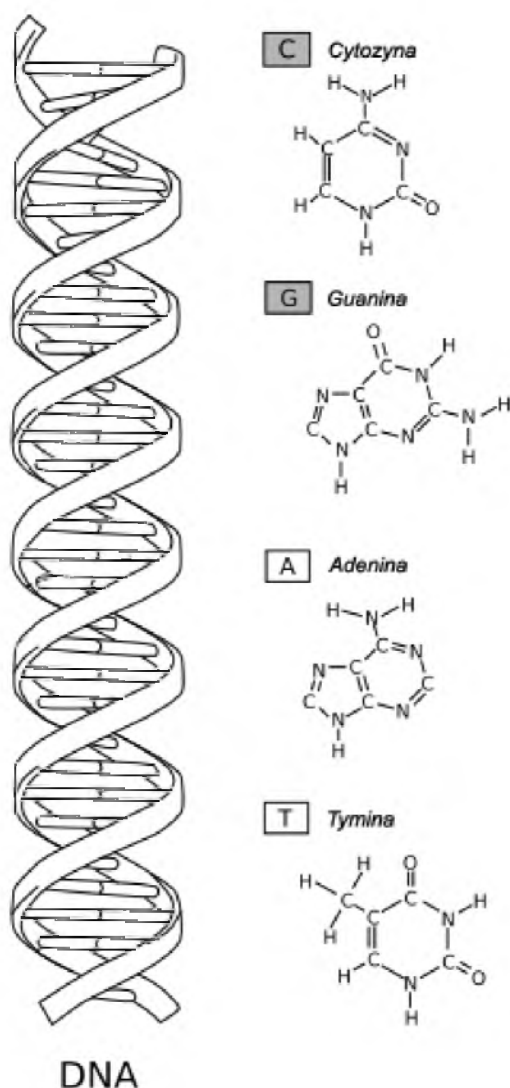
### 3.1. Wprowadzenie do genetyki

Wszystkie organizmy żywe, a także wirusy, których nie można jednoznacznie określić tym mianem, posiadają w swoim składzie materiał genetyczny. Dalszy opis dotyczy organizmów komórkowych, ponieważ wirusy nie posiadają możliwości powielania poza komórkami zainfekowanego organizmu.

Materiałem genetycznym nazywany jest złożony związek – kwas deoksyrybonukleinowy (dawniej nazywany dezoksyrybonukleinowym), w skrócie DNA, odkryty w 1944 roku przez Oswalda Avery'ego, Colina McLeoda i Maclyn McCarty. Dziewięć lat później przedstawiony został na trójwymiarowym modelu, opartym na rentgenogramie, przez Jamesa Watsona, Francis Cricka i Rosalindę Franklin. Wskazywał on dokładne miejsce, w którym znajdują się zakodowane informacje i wyjaśniał sposób ich duplikacji [72].

DNA (rys. 24) jest zbudowane z reszty kwasu fosforowego, dezoksyrybozy (cukru) oraz jednej z czterech zasad azotowych. Sekwencja nukleotydów DNA określa rodzaj tworzonego białka, a więc gen. Z początku wyraz „gen” był stosowany w związku z dziedziczeniem drobnych cech organizmu. Taką cechą mógł być kolor kwiatów. Obecnie zbiór cech organizmu nazywany jest fenotypem. Gen, w dzisiejszym rozumieniu, jest kompletną informacją na temat białka. Poza sekwencją kodową białka, posiada również informacje (tzw. sekwencję regulatorową), w jakich sytuacjach, z jaką intensywnością i w jakich komórkach tworzone będzie zakodowane białko.

Elementami kodującymi w kwasie deoksyrybonukleinowym są cztery reszty azotowe – adenina (oznaczona symbolem A), cytozyna (C), guanina (G) i tymina (T). DNA występuje najczęściej w dwóch połączonych ze sobą łańcuchach, gdzie zasady azotowe połączone są w kombinacjach adenina z tyminą oraz cytozyna z guaniną [10, 72].



Rysunek 24. Spirala DNA oraz cztery zasady azotowe.

W czasie tworzenia polipeptydów (białek), DNA rozdziela się na dwie nici, przy pomocy których tworzone jest matrycowe RNA (mRNA). W RNA w miejsce tyminy (T) wchodzi uracylem (U), stąd w oznaczeniach aminokwasów RNA zamiast litery „T” znajduje się litera

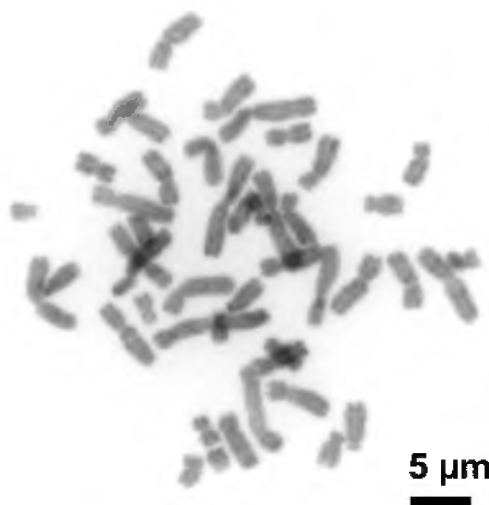
„U”. Rodzaj polipeptydów zapisują trzy następujące po sobie zasady. Ponieważ wszystkich kombinacji czterech reszt azotowych jest 64, a do syntezy 20 różnych aminokwasów wykorzystywanych jest 61 kombinacji, dzieli się je na 61 kodonów „sensownych” i 3 kodony „nonsensowe”. Ponieważ kombinacji jest więcej niż możliwych aminokwasów, niektóre związki kodowane są za pomocą więcej niż jednej trójki. Jest tak w przypadku glutaminy (Glu), która może być zapisana kombinacją CAA lub CAG. Kodony „nonsensowe” nie kodują żadnego związku, ale oznaczają koniec sekwencji kodowej białka.

Sposób odczytu i wykorzystania informacji zostanie objaśniony na przykładzie prokariotów (organizmów jednokomórkowych), ponieważ w przypadku eukariotów (organizmów wielokomórkowych) proces ten jest bardziej złożony. U organizmów jednokomórkowych znajdujący się w łańcuchu kodon AUG rozpoczyna syntezę białek, która kończy się jednym z kodonów nonsensowych (zwanym inaczej STOP) – UAA, UAG lub UGA. Kodony rozpoznawane są przez transportujące RNA (tRNA), które łączy wolne aminokwasy i transportuje je do rybosomów, gdzie tworzone są białka.

Materiał genetyczny skonstruowany jest w oparciu o kilka istotnych cech. Między innymi jest to cecha niezachodzenia, a więc kodony określające konkretne aminokwasy nie nachodzą na siebie. Każdy aminokwas opisany jest oddzielnie. Kolejną cechą jest tzw. nieprzecinkowość, która wymusza ciągłość kodowanych trójek bez nic nieznaczących przerw między nimi w postaci dowolnej liczby zasad. Powodowałoby to stworzenie niepotrzebnych aminokwasów wchodzących w skład białka. Mogłoby to być niebezpieczne dla organizmu. Tego typu błędy zachodzą w przypadku chorób genetycznych wywołanych mutacjami. Jedną z cech jest również jednoznaczność, ponieważ każdej trójce (za wyjątkiem „nonsensowej”) jest przypisany jeden aminokwas.

Materiał genetyczny zawarty w DNA przechowywany jest w formie chromosomów (rys. 25), które znajdują się w jądrze komórkowym. Można go jednak odnaleźć poza chromosomami np. w organellach. Poza istotnymi informacjami w DNA znajduje się duża nadwyżka informacji niewykorzystanej. Owa nadwyżka zwiększa się wraz ze złożonością organizmu. Dla przykładu człowiek posiada 2 900 mln par zasad, z czego zaledwie 9-27% materiału genetycznego stanowią geny funkcjonalne, a więc te kodujące białka. Nieznane są powody takiego stanu. Jedną z teorii tłumaczy ten fakt tym, że wraz ze zwiększeniem ilości danych, zwiększone zostaje jądro w każdej komórce, a to ma wpływ na metabolizm organizmu.





Rysunek 25. Chromosomy człowieka.

Z czasem długość chromosomów w organizmach żywych zmniejsza się. Każdy podział komórki powoduje skrócenie materiału genetycznego, ponieważ mechanizm replikacji nie jest idealny i niemożliwe jest rozpoczęcie kopiowania chromosomów dokładnie od ich początku. Informacje zawarte na początku chromosomów są nieistotne, podobnie jak niezapisana część na początku kasety audio. Jednak wraz z każdym skróceniem chromosomu zwiększa się prawdopodobieństwo utraty istotnych danych, dlatego zmniejszanie początkowych sekwencji chromosomów wiąże się ściśle z długością życia komórki.

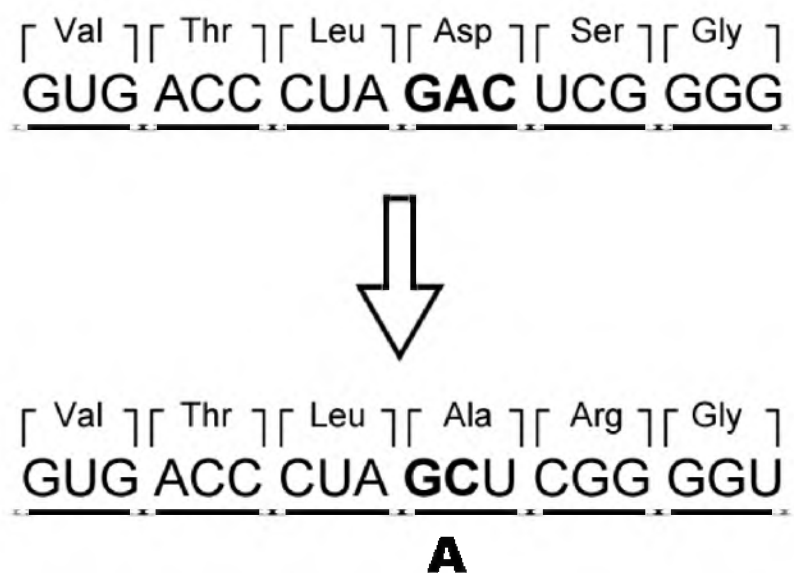
### 3.2. Krzyżowanie i mutacja w ujęciu biologicznym

Fundamentalnym procesem mającym na celu wymianę materiału genetycznego w przyrodzie jest krzyżowanie. Dzięki niemu mogą powstać osobniki bardziej przystosowane do panujących w danym czasie warunków środowiska.

Z początku uważano, że każde pokolenie powstaje z sumy cech wcześniejszych pokoleń. Dopiero doświadczenia XIX-wiecznego zakonnika o. Gregora Mendla wykazały, że proces dziedziczenia opiera się na innych zasadach. Mając dwie odmiany grochu o zielonych i żółtych nasionach dokonał on krzyżowania zapylając je naprzemiennie pyłkiem. Pierwsza generacja nie wykazywała żadnych zmian. Dopiero w drugiej generacji na obu krzakach pojawiały się nasiona o tych samych oraz przeciwnych kolorach. Zasady te nie ograniczają się jedynie do roślin.

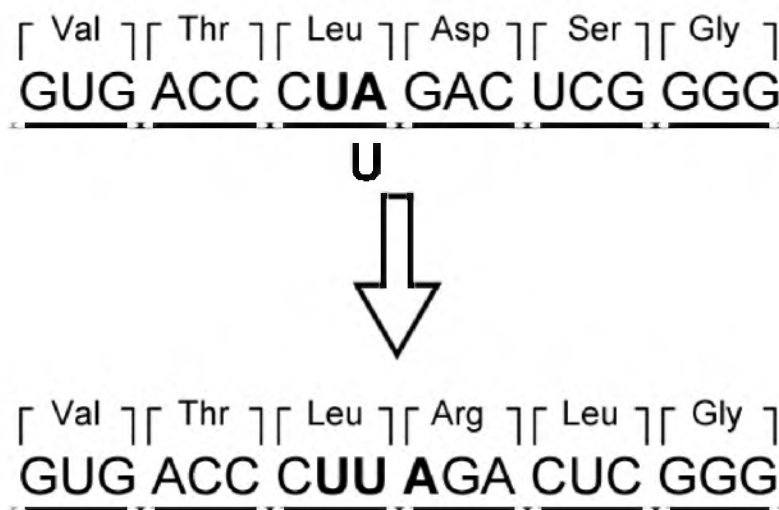
Zmiany w materiale genetycznym mogą zachodzić nie tylko za sprawą wymiany części łańcucha DNA w procesie krzyżowania, ale także poprzez mutację. Wyróżnia się kilka rodzajów mutacji. Poza różnicą skali, w jakiej zachodzą zmiany, można rozróżniać również rodzaj zmiany. Zasady mutacji najbardziej przypominające te obowiązujące w algorytmach genetycznych dotyczą mutacji genowych. Polegają one na mutacjach w obrębie jednego genu i można wyróżnić trzy rodzaje zmian.

Pierwszą z nich jest delecja. Polega ona na odczepieniu się jednej zasady i połączeniu łańcucha ponownie z jej pominięciem. Mutacja jest istotna, ponieważ zmienia się sens kodowania (rys. 26). DNA stosuje kodowanie trójkowe, więc po mutacji zapis wszystkich kolejnych kodonów określa inne aminokwasy. Co niebezpieczne, kodon oznaczający STOP będzie z dużym prawdopodobieństwem odczytany jako aminokwas, a inny aminokwas może po mutacji oznaczać koniec tworzenia białka (kodon STOP). Na rys. 26 z początku układ aminokwasów był następujący (wymienione od miejsca mutacji): asparaginian (Asp), seryna (Ser), glicyna (Gly), natomiast po zmianie wygląda następująco: alanina (Ala), arginina (Arg), glicyna (Gly). Ostatecznie taka mutacja posiada zapis innego, niż wymagane, białka.



Rysunek 26. Mutacja w formie delecji.

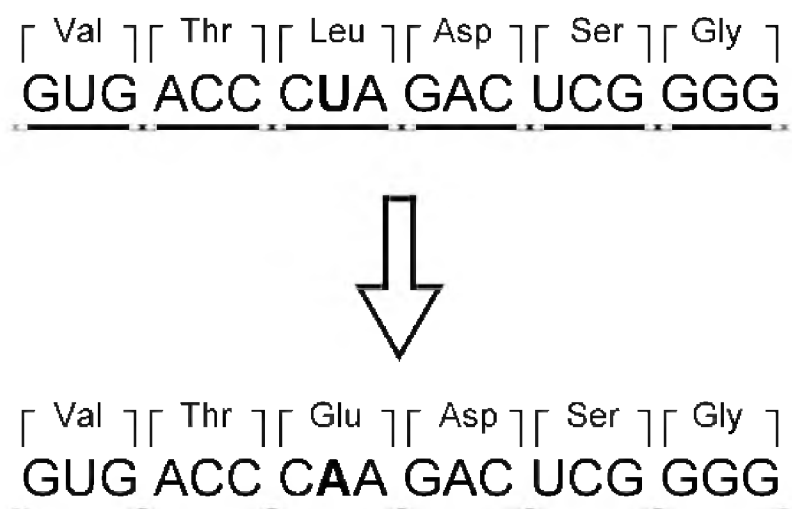
Mutacją odwrotną do delecji jest insercja, zwana także addycją. Do łańcucha materiału genetycznego zostaje dopisana jedna zasada i podobnie jak w poprzednim przypadku zmienia znaczenie kolejnych kodonów (rys. 27). Opisywana z początku leucyna (Leu), asparaginian, seryna i glicyna po mutacji zostały zamienione na następujące: leucyna, arginina, leucyna, glicyna.



Rysunek 27. Mutacja w formie insercji.

Ponieważ jeden aminokwas ma przypisanych kilka kodonów, mutacja nie musi wprowadzać zmiany w zmutowanym kodonie. Jednakże kodowanie trójkowe zostaje zaburzone i mimo zmiany tylko dwóch aminokwasów (asparaginianu i seryny) struktura całego zapisanego białka została zmieniona.

Obie mutacje, będące mutacjami punktowymi, działają destrukcyjnie na zapis trójkowy białka. Nieco mniejsze prawdopodobieństwo wpływu na układ materiału genetycznego ma jeszcze jedna mutacja punktowa nazwana substytucją. Polega ona na podmianie jednej zasady inną, co ostatecznie nie niszczy sensu kodowania trójkowego dalszych kodonów, ale z dużym prawdopodobieństwem zmienia znaczenie zmodyfikowanego kodonu, a tym samym struktury białka. Ponieważ leucyna, która na rys. 27 jest opisana kodonem CUA, może zostać zapisana na 5 innych sposobów (CUC, CUG, CUU, UUA, UUG), to jednak wszystkie kombinacje kodonu mają na drugiej pozycji uracylem. Każda modyfikacja drugiej pozycji zmienia znaczenie tego kodonu, co przedstawia rys. 28.

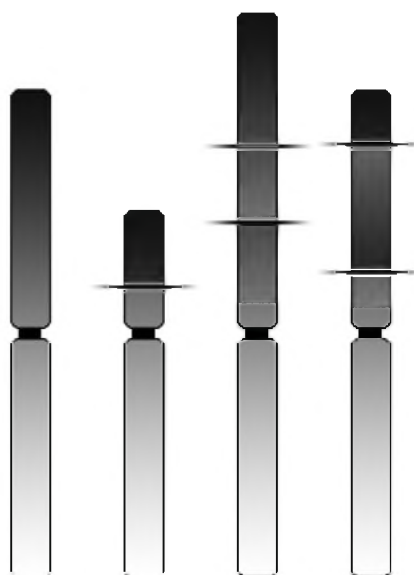


Rysunek 28. Mutacja w formie substytucji.

Mimo zmiany jednego kodonu, pozostałe zostają bez zmian. Oznacza to jednak, że białko zostanie skonstruowane niepoprawnie, ale informacje zawarte w dalszej części łańcucha pozostają zapisane w poprawnie odczytywanym kodzie trójkowym.

Kolejny rodzaj mutacji naturalnej odnosi się do chromosomów. W przypadku mutacji na jednym chromosomie rozróżnia się trzy rodzaje modyfikacji. Pierwsza polega na wycięciu kawałka chromosomu i połączeniu pozostałych części w całość. Modyfikacja ta nazywana jest deficycją. Kolejną mutacją jest duplikacja, która powiela część chromosomu, a następnie dołącza go do pozostałej części. Wyróżnia się jeszcze jedną mutację, która wycina część chromosomu, następnie zmienia jego orientację i łączy w niepoprawny sposób. Mówi się wtedy o inwersji. Wszystkie trzy mutacje przedstawia rys. 29.

Do mutacji chromosomowych nie zalicza się skracania chromosomów wraz z życiem komórki. Operacja ta jest naturalna i nieunikniona ze względu na wspomniane wcześniej działanie mechanizmu replikacji.



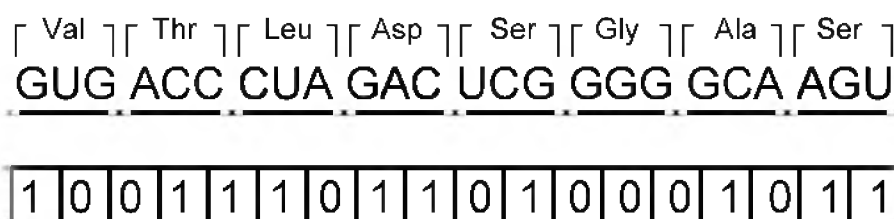
Rysunek 29. Możliwe mutacje chromosomu. Od lewej chromosom niezmieniony, zmieniony deficycją, duplikacją i inwersją.

### 3.3. Wprowadzenie do algorytmów genetycznych

Algorytmy genetyczne tworzą środowisko, w którym występuje pewna liczba osobników (populacja). Osobniki w formie cyfrowej są tworcami przechowującymi w sobie genotyp, a więc materiał genetyczny, odpowiednik DNA w organizmach żywych. Genotyp cyfrowy może być zgrupowany w formie chromosomów, a więc podobnie jak dzieje się to w przyrodzie w jądrze komórkowym (rys. 30). Genotypem nazywany jest zbiór chromosomów danego organizmu. Natomiast w skład chromosomu wchodzi geny, ale poza nimi mogą też wchodzić informacje uzupełniające, wspomagające działanie algorytmu genetycznego. Na podstawie genotypu możliwe jest w niektórych przypadkach określenie fenotypu, czyli zbioru cech osobnika. Dzięki jego cechom można określić czy osobnik przystosował się do danego środowiska czy nie.

Biorąc pod uwagę tematykę niniejszej pracy, podstawowym problemem jest brak możliwości precyzyjnego określenia fenotypu w oparciu o genotyp osobnika (fraktala). Fenotypem w tym przypadku jest wizualizacja fraktala IFS lub systemu dynamicznego. Wybrane cechy osobnika można określić jedynie dzięki odrębnym algorytmom analizującym wygenerowaną strukturę pod kątem wizualnym. Wybór właściwych, czyli istotnych cech, a także ich informatyczny zapis jest jednym z poważniejszych i trudniejszych problemów, których rozwiązanie zaproponowano w niniejszej pracy.

Najważniejszą częścią algorytmów genetycznych, obok opisanej dalej funkcji przystosowania, jest poprawne kodowanie informacji. Informacje zakodowane niepoprawnie mogą zwracać wyniki niezadowalające, bądź nawet błędne. Im kodowanie jest lepsze, czyli bardziej dostosowane do problemu, tym wynik jest bardziej zbliżony do poprawnego (poszukiwanego). Najczęściej spotykanym zapisem jest wektor wypełniony wartościami binarnymi, heksadecymalnymi, bądź rzeczywistymi. To podstawowa różnica między naturalną, czterostanową jednostką, a zapisem cyfrowym. Należy jednak wziąć pod uwagę fakt, że gen u osobników cyfrowych jest najczęściej konkretną liczbą.



Rysunek 30. Przykład biologicznego (u góry) i cyfrowego (na dole) materiału genetycznego.

Działanie algorytmu genetycznego można podzielić na kilka etapów:

1. Stworzenie populacji początkowej.
2. Selekcja najlepszych osobników w oparciu o funkcję przystosowania.
3. Sprawdzenie, czy został spełniony warunek kończący działanie algorytmu, jeżeli tak, działanie algorytmu zostaje przerwane w tym punkcie.
4. Modyfikacja osobników z wykorzystaniem operatorów:
  - a) krzyżowania,
  - b) mutacji.
5. Stworzenie nowej generacji.
6. Powrót do punktu 2 – selekcji.

Wyznaczenie wartości funkcji przystosowania jest kluczowym momentem decyzji, czy dane rozwiązanie jest satysfakcjonujące czy nie, a więc czy powstałe w czasie „ewolucji”

osobniki spełniają warunki będące możliwym rozwiązaniem problemu. Należy w tym momencie zauważyć, że rozwiązania niektórych zadań nie muszą być dokładne, a wystarczającym rozwiązaniem jest mieszczanie się w narzuconym zakresie rozwiązań.

W celu najprostszego opisu sposobu działania algorytmów genetycznych najlepiej przytoczyć cytaty z książki Zbigniewa Michalewicz: „W algorytmach genetycznych jest spora liczba kangurów, które są zrzucone na spadochronach w Himalaje (...) w losowych miejscach. Kangury te nie wiedzą, że mają szukać szczytu Mont Everest. Jednak co kilka lat zabija się kangury na niskich wysokościach z nadzieją, że te które zostały, będą owocne i rozmnożą się.” [48]

Najtrudniejszy etap pracy związany jest z utworzeniem automatycznej funkcji przystosowania do postawionego w pracy problemu. Trudno bazować na cechach określających estetykę wizualną wzoru, ponieważ subiektywna ocena każdego człowieka może być bardzo odmienna, co za tym idzie każdy człowiek narzuca inne cechy poszukiwane w ocenianym obrazie. Z drugiej strony trzeba również wziąć pod uwagę wiedzę użytkownika, która może być niewystarczająca do przejrzystego opisu cech, jakimi kieruje się w doborze odpowiadających mu wzorów. Z tego powodu ostateczna ocena przystosowania wykonanych przez algorytm struktur fraktalnych może różnić się od oceny nadanej im przez użytkownika i – zgodnie z informacjami zawartymi w rozdziale poświęconym estetyce – decyzja użytkownika nie powinna podlegać ocenie przez inną osobę.

Algorytmy genetyczne wykorzystywane są do rozwiązań problemów, w których analityczny sposób jest zbyt czasochłonny lub nie istnieje. Trzeba jednak zaznaczyć, iż nigdy nie ma pewności, czy optimum, które jest poszukiwane i zostało zwrócone przez algorytm, jest optimum lokalnym czy globalnym, czyli tym, które stanowi ostateczne rozwiązanie zadanego problemu. Zaletą algorytmów genetycznych jest tworzenie nowych rozwiązań bez korzystania z wiedzy odnośnie analizowanego problemu. Dzięki temu może powstać zupełnie inna, nie brana wcześniej pod uwagę, a korzystniejsza droga do rozwiązania problemu.

### 3.4. Krzyżowanie w ujęciu algorytmów genetycznych

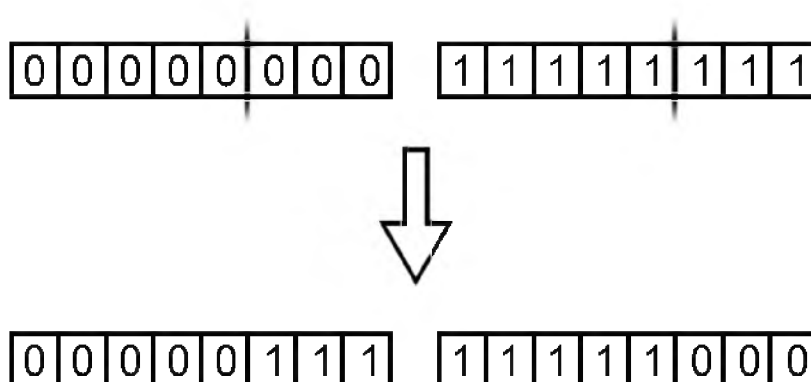
Operacja krzyżowania (ang. *crossover*) w algorytmach genetycznych funkcjonuje w bardzo podobny sposób jak biologiczna wymiana materiału genetycznego. Osobniki zachowują się jednak jak organizmy haploidalne, czyli nie posiadają par chromosomów. Fakt ten nie wyklucza występowania pewnej cechy u osobnika potomnego, która nie jest zauważalna u rodzica. Możliwe jest posiadanie cechy lub genów uśpionych, które u rodzica są nieaktywne, natomiast u potomka pojawiają się i wpływają na niego w określony sposób [43].

Bardzo ważnym elementem modyfikacji materiału genetycznego jest powstawanie przeważnie z dwóch osobników rodziców dwóch osobników dzieci (potomnych, z ang. *offsprings*). Każdy z potomków będzie dziedziczył część cech jednego i drugiego rodzica, przy czym, jeżeli rodzice nie posiadali chociaż jednej identycznej cechy, to dzieci nie będą posiadać żadnej cechy wspólnej – będą zupełnie od siebie różne.

Wyróżnia się kilka rodzajów krzyżowania cyfrowego [49]. Najprostszym typem jest krzyżowanie jednopunktowe. Posiadając dwa łańcuchy o tej samej długości, określany zostaje punkt cięcia w dowolnym miejscu łańcucha. Aby nie ograniczać przestrzeni rozwiązań, w każdym krzyżowaniu może on znajdować się w innym miejscu. Mając tak podzielone łańcuchy, tworzone zostają osobniki potomne posiadające pierwszą część łańcucha od jednego rodzica, natomiast drugą część, zgodnie z miejscem punktu cięcia, od rodzica drugiego. Ten typ krzyżowania przedstawiono na rys. 31. W celu łatwiejszego zaobserwowania, ciągi na rysunku są złożone z samych „0” i „1”. Punkt cięcia został zlokalizowany pomiędzy 5. a 6. genem. Według kolejności rodzic pierwszy posiada ten sam ciąg początkowy co potomek pierwszy, a od 6. genu potomek pierwszy posiada odpowiednią część ciągu rodzica drugiego. W przypadku potomka drugiego jest dokładnie na odwrót.

Kolejnym sposobem krzyżowania jest krzyżowanie wielopunktowe odcinkowe. Zasada tworzenia osobników potomnych jest zbliżona do krzyżowania jednopunktowego, jednak nie ogranicza się do jednego punktu cięcia. Początkowo określane zostają punkty cięcia, które u obu osobników rodziców muszą znajdować się na tych samych pozycjach. Gdy tak nie jest, błąd z ułożeniem nawet jednego punktu prowadzi do uszkodzenia materiału genetycznego u potomka. Tego rodzaju modyfikacje zostały opisane w rozdziale 3.5.



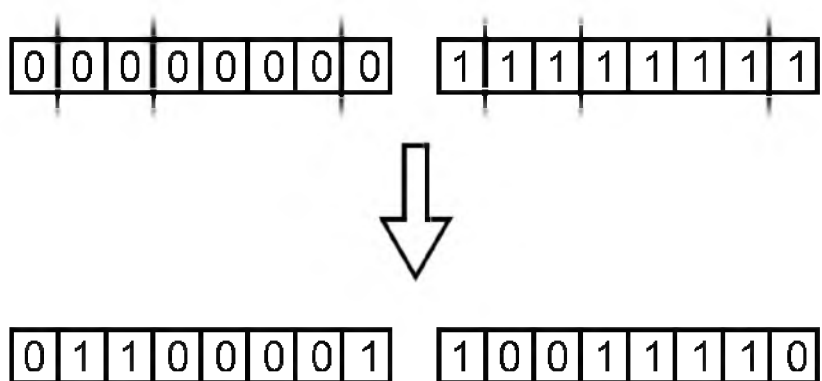


Rysunek 31. Przykład krzyżowania jednopunktowego.  
U góry materiał genetyczny rodziców, u dołu – potomków.

W tym przypadku operacje zostały nazwane błędami, natomiast w mutacji wprowadzają element zmieniający zakres poszukiwań w przestrzeni rozwiązań. Słowo „odcinkowe” w nazwie krzyżowania oznacza, że osobniki potomne składane są z odcinków stworzonych przy pomocy kilku punktów cięcia. Przypomina to kawałki dwóch różnych obrazów podzielonych w ten sam sposób. Elementy nieparzyste mieszane są z elementami parzystymi, jak na rys. 32. Aranżacja pierwszego potomka zaczyna się od ciągu genów pierwszego rodzica do czasu napotkania pierwszego punktu cięcia. W takim przypadku, od miejsca cięcia, do osobnika potomnego trafiają geny rodzica drugiego. Każdy punkt cięcia oznacza zmianę rodzica, z którego genów budowany jest fragment osobnika potomnego. Drugi osobnik tworzony jest w analogiczny sposób, rozpoczynając kopiowanie genów od rodzica drugiego. Odcinek stworzony z punktów cięcia może posiadać długość od jednego genu do ciągu genów rodzica pomniejszonego o jeden.

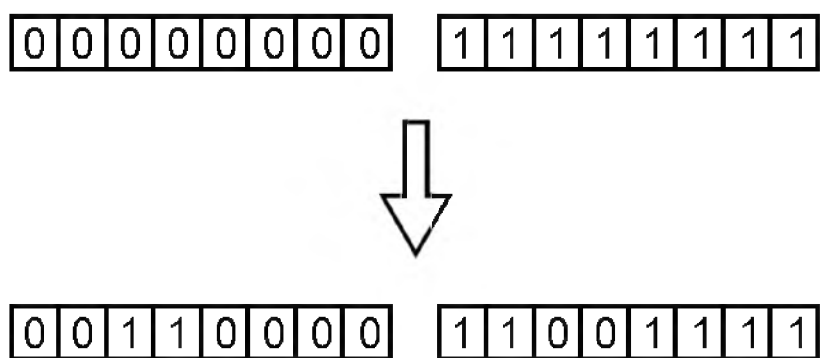
Ostatnim sposobem tworzenia osobników kolejnej generacji jest krzyżowanie wielopunktowe wymieniające, zwane również krzyżowaniem wymieniającym.

Częstotliwość krzyżowania jest kontrolowana wartością prawdopodobieństwa. Prawdopodobieństwo krzyżowania (ang. *crossover probability*) najlepiej zobrazować na omawianym typie krzyżowania wymieniającego. Z reguły prawdopodobieństwo krzyżowania wynosi 0,25 [48], co odnosi się do całej populacji i decyduje, jakie jest prawdopodobieństwo sparowania wylosowanych osobników. Tę samą wartość można również wykorzystać podczas samego krzyżowania.



Rysunek 32. Przykład krzyżowania wielopunktowego odcinkowego.  
U góry materiał genetyczny rodziców, u dołu – potomków.

Technika krzyżowania wymieniającego nie bierze pod uwagę pozycji genów jako odcinków (rys. 33). Każda pozycja jest brana pod uwagę niezależnie. To, czy pierwszy potomek będzie posiadał gen pierwszego rodzica, jest warunkowane przez funkcję pseudolosową. Za każdym razem, dla każdego genu jest losowana liczba pseudolosowa i jeżeli mieści się ona w zadanym przedziale, w tym przypadku  $[0, 0,25]$ , geny zostają zamienione. Oznacza to, że osobnik potomny pierwszy otrzymuje gen rodzica drugiego, a potomek drugi gen rodzica pierwszego. Gdy liczba pseudolosowa leży poza zadanym przedziałem, potomek pierwszy otrzymuje gen rodzica pierwszego, a osobnik potomny drugi, gen od rodzica drugiego.



Rysunek 33. Przykład krzyżowania wymieniającego.  
U góry materiał genetyczny rodziców, u dołu – potomków.

Dopuszczalnym w algorytmach genetycznych, ale niewystępującym w naturze procesem, który można znaleźć w literaturze, jest tworzenie potomków poprzez krzyżowanie więcej niż dwóch osobników. W artykule [20] zademonstrowano krzyżowanie wielu rodziców, z których powstało tyle samo osobników potomnych. Wymiana genów przypominała krzyżowanie wielopunktowe, gdzie po każdym punkcie cięcia brane były pod uwagę geny kolejnego rodzica (ang. *diagonal crossover*). W każdym przypadku liczba cięć była równa liczebności rodziców pomniejszonej o jeden.

W niektórych sposobach kodowania osobników poza zestawem genów jest zakodowana informacja dotycząca „życia” osobnika. Jest ona brana pod uwagę podczas krzyżowania i ma ona wpływ na działanie tej modyfikacji.

Wymienione powyżej przykłady demonstrują działanie krzyżowania binarnego, a więc działającego na materiale genetycznym zapisanym jako ciąg zer i jedynek. Operator ten można również stosować na materiale genetycznym zapisanym w formie liczb dziesiętnych.

Mimo wielu sposobów krzyżowania, działanie tej operacji zależy od osobników modyfikowanej populacji. Jeżeli populacja wykazuje dużą różnorodność, algorytm krzyżowania pozwala wygenerować nowe, niewystępujące we wcześniejszych generacjach, osobniki. Takie działanie może zmienić zakres przeszukiwania. Wraz ze stagnacją algorytmu, poprzez tworzenie populacji składającej się z podobnych osobników, krzyżowanie najczęściej traci cechy ekspansji i tym samym zawęża zakres przeszukiwania.

Istnieją strategie, w których pomijany jest algorytm krzyżowania i stosowana jest jedynie mutacja. W literaturze jeden z typów takiej mutacji określa się terminem 1+1.

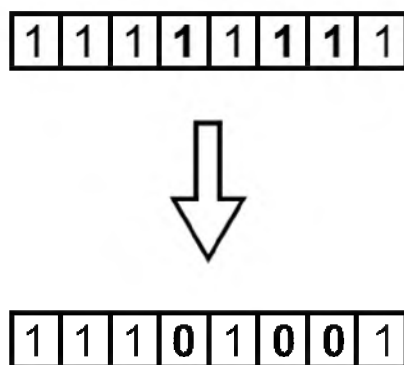
### **3.5. Mutacja w ujęciu algorytmów genetycznych**

W formie sztucznej występuje kilka rodzajów mutacji. Najczęściej spotykanym rodzajem mutacji jest mutacja analogiczna do substytucji. W dużej mierze jest ona zależna od sposobu kodowania informacji. Gdy cyfrowy odpowiednik kodu genetycznego zapisany jest w formie binarnej, mutacja przebiega zgodnie z wartością ograniczającą, którą nazywa się prawdopodobieństwem mutacji. Ze względu na niewielką liczbę genów, w porównaniu nawet z prostymi organizmami, w literaturze [48] najczęstszą wartością prawdopodobieństwa mutacji jest 0,01. Wartość ta powinna być dostosowana do długości genotypu osobników. Im dłuższy genotyp, tym większe prawdopodobieństwo, że mutacja wystąpi. W celu większej ekspansji,

a więc zwiększenia zakresu badanej przestrzeni rozwiązań, wartość prawdopodobieństwa można zwiększać, należy jednak czynić to ostrożnie. Przestrzeń rozwiązań powinna być przeglądana wystarczająco dokładnie, bez nagłych skoków, które mogą przeoczyć poszukiwane optima.

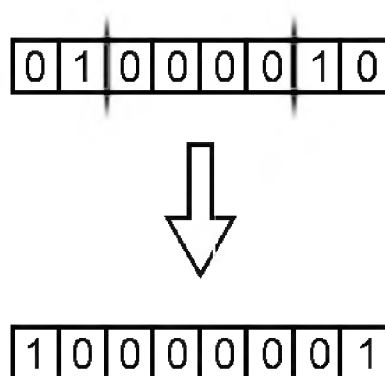
Prawdopodobieństwo mutacji nie musi być stałe przez cały proces tworzenia kolejnych generacji. Osobniki tworzone przy zastosowaniu algorytmu genetycznego mają tendencje do zbiegania, czyli tworzenia osobników podobnych do siebie. W przypadku, gdy wszystkie osobniki dążą do optimum lokalnego, efekt ten jest niekorzystny. Dodatkowo w większości problemów rozwiązywanych algorytmami tego typu nie ma możliwości określenia, jakie optimum zostało odnalezione. Jednym ze sposobów zwiększenia szans odnalezienia poszukiwanego rozwiązania, jest wielokrotne uruchamianie algorytmu lub sztuczne pobudzenie mutacji. Po zbiegnięciu osobników w odnalezionym optimum, prawdopodobieństwo mutacji może zostać zwiększone, dzięki czemu wzrasta różnorodność osobników oraz eksploracja zadanej przestrzeni poszukiwań. Przy odnalezieniu kolejnego optimum, wcześniejsze wyniki mogą zostać porównane w celu określenia, które rozwiązanie jest lepsze.

Posiadając materiał genetyczny w formie binarnej jak na rys. 34, dla każdego genu wektora obliczane jest prawdopodobieństwo mutacji w oparciu o generator liczb pseudolosowych. Jeżeli mutacja następuje, dochodzi wtedy do zamiany wartości. W tym przypadku gen przyjmuje jeden z dwóch stanów, a więc mutacja polega na zmianie „0” na „1” lub „1” na „0” [40, 45].



Rysunek 34. Przykład mutacji cyfrowego DNA. Ciąg przed (u góry) i po mutacji (na dole).

Poza tradycyjną mutacją, należy również wspomnieć o innych operatorach zaproponowanych przez M. Herdy'ego [28] i wykorzystywanych w algorytmach genetycznych przy rozwiązywaniu problemu komiwojażera (ang. *The Travelling Salesman Problem*). Działanie podobne do addycji, w algorytmach genetycznych, posiada operator wstawiania (ang. *Insertion*), który do ciągu binarnego dodaje co najmniej jedną pozycję. Innym z nich jest operator inwersji. Podczas działania tej modyfikacji określone są punkty cięcia, przeważnie dwa, ponieważ zwiększenie ich liczby, zgodnie z badaniami autora, pogarsza jakość działania algorytmu. W następnym kroku fragmenty przed pierwszym i po drugim punkcie cięcia zamieniane są miejscami – zachodzi inwersja (rys. 35).



Rysunek 35. Przykład działania operatora inwersji.

Poza inwersją dokonuje się również wzajemnej wymiany. Modyfikacja działa podobnie jak inwersja, ale brane pod uwagę są pojedyncze geny, które zamieniane są między sobą. Podobnym działaniem do wspomnianego wcześniej operatora wstawiania, jednak o większej skali, jest operator przenoszenia. Modyfikacja polega nie na zamianie części chromosomu, ale na przeniesieniu jego fragmentu w inne miejsce tego samego chromosomu.

Mutacje można sztucznie ograniczać imitując funkcje naprawcze żywego organizmu. Jest to ściśle związane ze sposobem kodowania oraz rodzajem zakodowanych informacji. Część informacji może być chroniona lub mutacja na nich może zostać ograniczona. Informacja na ten temat może być zawarta w schematach, gdzie wszystkie pozycje poza symbolem „nieistotne” (\*), będą naprawiane zgodnie z tą informacją [48]. Fragment kodu związany z prawdopodobieństwem wyboru zestawu przekształceń we fraktalach IFS powinien być

odporny na wszelkiego rodzaju mutacje – suma prawdopodobieństwa musi wynosić 1 (100%). Jedyną dopuszczalną mutacją może być zamiana kolejności tych parametrów, ale wyłącznie w obrębie wiersza odpowiedzialnego za prawdopodobieństwo.

### 3.6. Selekcja

Selekcja jest elementem koniecznym wchodzącym w skład algorytmu genetycznego. To za jej sprawą algorytm genetyczny posiada możliwość odnalezienia rozwiązania zadanego problemu. Osobniki określane są jako bardziej przystosowane (lepsze) i mniej przystosowane (gorsze) względem spełniania określonych, ustalonych wcześniej warunków.

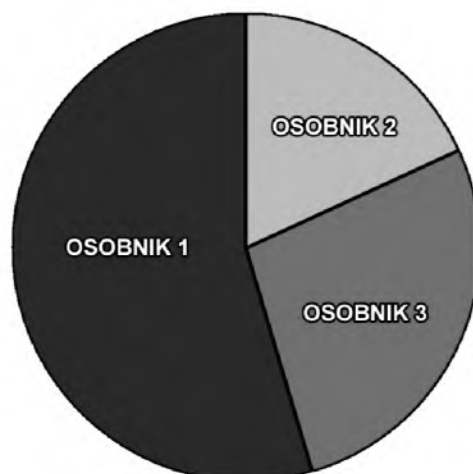
Główną wartością braną pod uwagę w selekcji jest przypisywana, proporcjonalnie do spełniania owych warunków, wartość przystosowania, która w różnych metodach selekcji zwiększa szanse wyboru bardziej dostosowanego osobnika. Istnieje kilka różnych strategii doboru osobników do stworzenia populacji potomków. W selekcji można wyróżnić dwa etapy:

1. Etap przypisywania wartości przystosowania,
2. Selekcja według określonej strategii.

Po tych zabiegach następuje przejście do rekombinacji, a więc krzyżowania oraz mutacji.

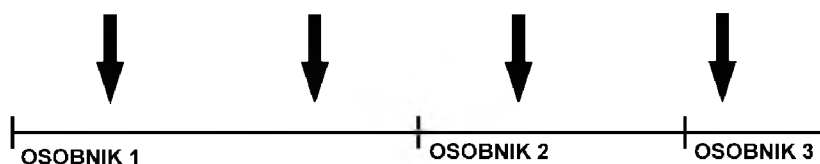
W pierwszym etapie, według wcześniej ustalonych kryteriów, dla każdego z osobników jest ustalana wartość przystosowania. Jest ona przypisywana niezależnie dla każdego osobnika populacji.

W kolejnym etapie wybierany jest jeden z kilku sposobów doboru osobników rodziców. Jedną ze strategii jest tak zwane koło ruletki. Wybór osobników w tym przypadku jest pseudolosowy, jednakże wartość przystosowania odgrywa znaczącą rolę. Dzięki niej osobnik może zwiększyć lub zmniejszyć prawdopodobieństwo wylosowania, gdyż im osobnik został określony jako lepiej przystosowany, tym większe pole na kole ruletki należy do niego (rys. 36). Nie daje to gwarancji wyboru najlepszych osobników, ale zwiększa prawdopodobieństwo takiego wyniku. Przypomina to wybieranie osobnika poprzez rzucanie kostką do gry. W tym przypadku jeden osobnik może zostać wybrany, gdy wypadnie od 1 do 3 oczek, drugi – gdy wypadnie 4 lub 5 oczek, natomiast trzeci osobnik wybierany jest, gdy wypadnie tylko 6 oczek.



Rysunek 36. Selekcja metodą koła ruletki.

Innym sposobem doboru rodziców jest stochastyczne uniwersalne próbkowanie polegające na podobnym rozłożeniu osobników jak w kole ruletki, zaczynając od najlepiej przystosowanych, a więc posiadających największe pole. W tej strategii nie wykorzystuje się losowania, ale rzutując koło ruletki na oś liczbową, według wyżej wymienionych warunków, wybiera się osobniki poprzez odmierzanie równych odległości podążając od posiadacza największego pola do najgorzej przystosowanego osobnika (rys. 37). W przypadku tego algorytmu istnieje większe prawdopodobieństwo wyboru lepiej dostosowanych osobników, ale tym samym zwiększa się prawdopodobieństwo powtórzeń tego samego materiału genetycznego, to znaczy wyboru kilku tych samych dobrze przystosowanych osobników. Fakt ten może prowadzić do szybkiego zbiegania się wyników algorytmu i powstawania identycznych lub bardzo zbliżonych do siebie osobników po kilku następnych operacjach selekcji.



Rysunek 37. Selekcja metodą stochastycznego próbkowania.

Selekcja turniejowa to strategia opierająca się na losowaniu wybranej liczby osobników z populacji. Jednakże tutaj funkcja przystosowania brana jest pod uwagę dopiero po losowaniu, po którym spośród wybranych osobników do nowej populacji wchodzi osobnik najlepiej przystosowany. Zabieg kończy się z momentem otrzymania określonej liczby osobników wymaganych do stworzenia populacji potomnej.

W przypadku populacji składającej się z osobników różniących się od siebie w niewielkim stopniu, korzystne jest wykorzystanie selekcji opartej na rangach. Selekcja tego typu pozwala na większe rozróżnienie osobników populacji poprzez posortowanie ich w oparciu o ich ocenę przystosowania, a następnie nadanie im rang. W zależności od problemu można zastosować selekcję rangową z liniową lub z potęgową funkcją prawdopodobieństwa. Liniową selekcję rangową opisuje wzór (21), natomiast potęgową selekcję rangową opisuje wzór (22).

$$p(x_n) = a + k \left(1 - \frac{r(x_n)}{r_{max}}\right), \quad (21)$$

gdzie  $a$  i  $k$  to parametry decydujące o skali różnicy między osobnikami,  $r(x_n)$  to ranga osobnika  $x_n$ ,  $r_{max}$  to liczba osobników pomniejszona o 1.

$$p(x_n) = a + k (r_{max} - r(x_n))^p, \quad (22)$$

gdzie  $a$ ,  $k$  i  $p$  to parametry decydujące o skali różnicy między osobnikami,  $r(x_n)$  to ranga osobnika  $x_n$ ,  $r_{max}$  to liczba osobników pomniejszona o 1.

Modyfikując parametry  $a$ ,  $k$  oraz  $p$ , można zwiększać rozróżnialność kolejnych posortowanych osobników. Po nadaniu rangi każdemu osobnikowi uruchamiana jest procedura selekcji. W przypadku selekcji w oparciu o koło ruletki zamiast ocen przystosowania pod uwagę brane są nadane osobnikom rangi. Dzięki temu osobniki o podobnych ocenach przystosowania mogą zajmować różniące się znacznie powierzchnią, a co za tym idzie prawdopodobieństwem wylosowania, pola na kole ruletki.

Jako inny rodzaj selekcji jest również traktowany wybór sąsiadów określonego osobnika i jest to jeden z najprostszych algorytmów selekcji.

Jednym z największych wyzwań pracy jest stworzenie algorytmu oceny w formie mechanizmu określającego estetykę wizualną wygenerowanych wzorów. Ponieważ wartości wykorzystywane do utworzenia osobnika nie da się w prosty sposób przełożyć na jego wygląd, analiza musi opierać się jedynie na wizualnym efekcie wykonanych iteracji.

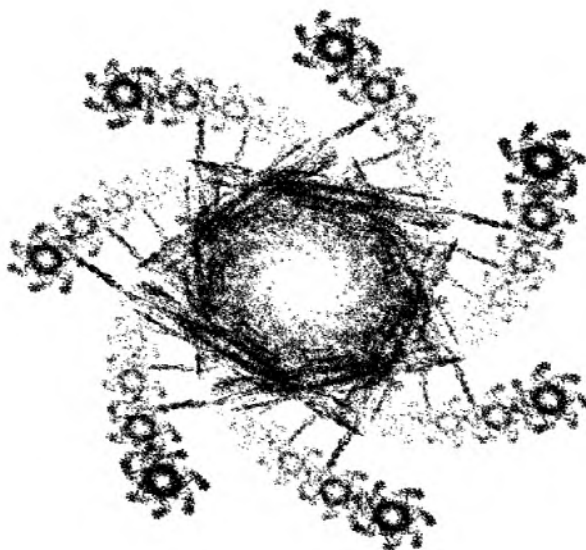


Analiza dotyczy pikseli wchodzących w skład osobnika, a więc sposób tworzenia fraktala (KWR, „Gra w Chaos”) jest zupełnie dowolny, o ile liczba iteracji jest dopasowana do rozdzielczości, w jakiej pracuje algorytm badający strukturę wizualną osobnika.

Dzięki zastosowaniu tego sposobu analizy praca mogła zostać rozszerzona o inne typy obiektów.

## Rozdział 4 – Adaptacja algorytmu genetycznego oraz funkcji oceny

Wizualizacje obiektów w oparciu o wartości współczynników IFS oraz parametry systemów dynamicznych są bardzo podatne na wszelkie zmiany, przez co modyfikacje muszą być odpowiednio małe [41]. Można tę osobliwość porównać do „efektu motyla” odkrytego przez Edwarda Lorenza. Niewielkie i, z pozoru, nieistotne zaokrąglenia wartości wejściowej funkcji, otrzymywane po wielu iteracjach, wprowadzały duże błędy w wartościach wyjściowych. Podobne operacje wpływają równie niekorzystnie na strukturę fraktali [32]. Z drugiej strony, w celu otrzymania unikatowych wzorów należy wprowadzić element losowości. Przykład osobliwego wzoru został przedstawiony na rys. 38. Wygenerowany został w piątej generacji fraktali posiadających cechy symetrii spiralnej.

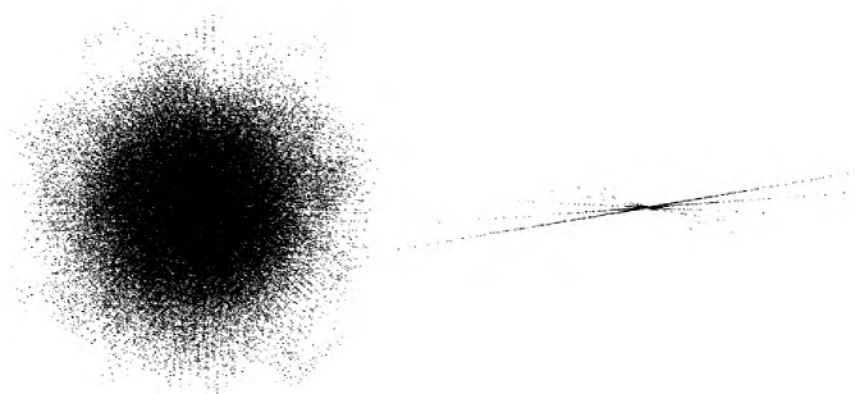


Rysunek 38. Spiralny fraktal IFS.

Niekontrolowana losowość generuje wzory przypominające chaotycznie rozsypany piasek nie reprezentujący żadnego ciekawego kształtu lub mało interesujące anomalie (rys. 39). Nie można więc przypisywać dowolnych pseudolosowych wartości przekształceń, ponieważ rozwiązanie najczęściej będzie dążyć do wygenerowania wzorów, które wizualnie będą najmniej pożądane przez użytkownika. Podobny problem powstaje podczas zastosowania zbyt dużego parametru prawdopodobieństwa mutacji w algorytmie genetycznym [41]. Celem pracy było

wybranie algorytmów posiadających element losowości, który jednak może być kontrolowany i w łatwy sposób ograniczany.

Bardzo dobrym rozwiązaniem tego problemu jest zastosowanie algorytmów genetycznych, które wprowadzają element losowości w modyfikacjach współczynników IFS, a tym samym ograniczają chaotyczność zmian. Odpowiednie przystosowanie operatorów krzyżowania i mutacji zapewnia otrzymanie unikalnych wzorów zgodnych z wymaganiami użytkownika.



Rysunek 39. Anomalie wynikające z pseudolosowej modyfikacji współczynników.

W celu zastosowania tego typu algorytmu ewolucyjnego należy przekształcenia IFS i parametry systemów dynamicznych zapisać w sposób czytelny dla operatorów krzyżowania oraz mutacji. Sposób kodowania zostanie przedstawiony tylko w odniesieniu do fraktali IFS, ponieważ metoda działa analogicznie w przypadku zapisu parametrów wszystkich badanych systemów dynamicznych. Na początku należy założyć, iż wszystkie przekształcenia, wraz z prawdopodobieństwem ich wyboru, tworzą genotyp osobnika, którego wizualizacją jest fenotyp przedstawiający określone cechy wizualne.

Operacje przeprowadzane na populacji fraktali IFS mogą modyfikować cechy osobników poprzez mutację, wskutek czego powstają nowe ich odmiany. Osobniki mogą łączyć część cech kilku fraktali poprzez krzyżowanie. Dzięki tej samej operacji mogą również wykluczyć część cech osobnika. Dotyczy to również wyekstrahowania konkretnej cechy, która powinna zostać zachowana lub usunięta. Próba manualnego usunięcia lub progresji konkretnej cechy jest bardzo trudna, bez wykonywania wielu czasochłonnych doświadczeń.

Tworząc genotyp osobnika należy zgromadzić wszystkie przekształcenia i zgrupować je w zależności od ich typów. Kolejność typu przekształceń nie ma znaczenia, jednakże jego pozycja powinna być ta sama dla każdego osobnika populacji i uwzględniona przy tworzeniu algorytmu wizualizacji. Tabela 3 przedstawia zestaw przekształceń fraktala zwizualizowanego wcześniej na rys. 38. Podobnie kolejność kolumn jest zupełnie dowolna, o ile zamieniono całą kolumnę z inną. W każdej iteracji algorytmu wizualizacji osobnika brany pod uwagę jest tylko jeden zestaw przekształceń, a więc jedna kolumna tabeli. Wyborem tym kieruje ostatni wiersz określający prawdopodobieństwo wyboru kolumny oraz liczba pseudolosowa przypisana mu w algorytmie. Suma ostatniego wiersza musi być równa 1 (100%), ponieważ wykluczony musi być błąd braku przekształceń lub większa, a tym samym zbędna, liczba.

*Tabela 3. Zbiór przekształceń IFS fraktala*

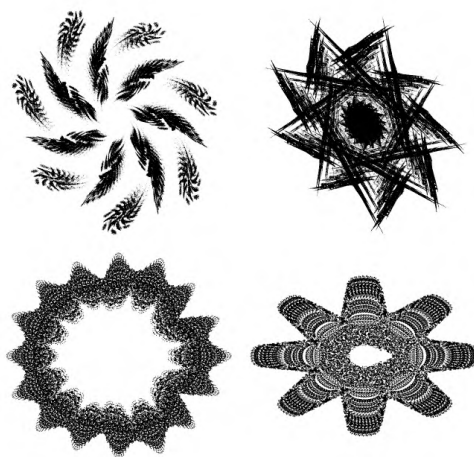
<b>Typ przekształcenia</b>	<b>I</b>	<b>II</b>	<b>III</b>	<b>IV</b>
Skalowanie względem osi OX	0,167	-0,848	-0,442	-0,148
Rotacja lub ścinanie	0,010	0,469	-0,250	-0,032
Rotacja lub ścinanie	-0,018	-0,348	0,223	0,002
Skalowanie względem osi OY	0,160	-0,943	0,216	0,146
Translacja względem osi OX	0,176	-0,020	-0,054	0,506
Translacja względem osi OY	0,025	0,350	0,000	0,386
Prawdopodobieństwo	0,010	0,850	0,070	0,070

Po zgromadzeniu przekształceń w formie macierzy dwuwymiarowej można podzielić ją na zbiór wektorów. Wektor można przyrównać do chromosomu osobnika. Najlepszym podziałem będzie zgromadzenie jednego typu przekształcenia w jednym chromosomie, a więc każdy wiersz tablicy staje się chromosomem. Zauważyć należy, że ostatni chromosom będzie prawdopodobieństwem, a więc będzie ustalał który gen, a w tym przypadku bardziej właściwą nazwą jest allel, z pozostałych chromosomów w każdej iteracji jest wybrany do stworzenia zestawu przekształceń. Ze względu na liczbę przekształceń każdy osobnik posiada tę samą liczbę chromosomów o stałej długości. Długość chromosomów między osobnikami może się różnić.

Podobnie jak zestaw aminokwasów, które budują białko wchodzące w skład organizmu, w formie sztucznej zestaw przekształceń buduje elementy, które tworzą wizualne cechy fraktala.

Dużym problemem w badanym zagadnieniu jest stworzenie populacji początkowej. Ważne jest, aby populacja początkowa składała się ze zróżnicowanych wizualnie osobników, co wiąże się z różnorodnością posiadanych przez osobniki cech. Fraktal IFS budowany jest na podstawie zestawów przekształceń. Każdy zestaw składa się ze stałej liczby przekształceń. Liczba tych zestawów jest dowolna i może być różna dla każdego fraktala, co wpływa bezpośrednio na jego wizualną strukturę. W przypadku systemów dynamicznych, liczba parametrów jest związana z wybranym typem osobników i dla każdego z nich jest stała. Sposób generowania fraktali IFS oraz systemów dynamicznych jest odmienny, z tego powodu nie jest możliwe łączenie ze sobą osobników wykonanych przy zastosowaniu współczynników IFS i współczynników systemów dynamicznych.

Obiekty takie jak fraktale IFS o spiralnym kształcie oraz część osobników stworzonych za pomocą przekształceń Gumowskiego-Miry posiadają podobne kształty i te same cechy wizualne takie jak m.in. symetria [39, 58]. W niektórych iteracjach algorytmu w obu przypadkach powstają wizualnie zbliżone do siebie formy, pomimo dużych różnic pomiędzy wzorami tworzącymi (rys. 40).



Rysunek 40. Przykłady fraktali IFS (u góry)  
i systemów dynamicznych (na dole)

Kodowanie systemów dynamicznych na potrzeby algorytmu genetycznego nie stanowi problemu ze względu na stałą liczbę parametrów w obrębie całej populacji. Problem pojawia się w przypadku fraktali IFS, gdzie liczba współczynników jest różna i nie posiada narzuconego odgórnie ograniczenia. Trójkąt Sierpińskiego posiada trzy zestawy przekształceń, przy pomocy

których tworzy się jego wizualizację, natomiast Dywan Sierpińskiego posiada takich zestawów osiem. Zestaw wybierany jest podczas generowania w oparciu o ustalone dla niego prawdopodobieństwo zajścia. Różna liczba zestawów przekształceń, a więc tym samym różna długość chromosomów, jeżeli zastosowany zostanie taki sposób grupowania, stanowi pewien problem w czasie wykonywania operacji krzyżowania. Aby wszystkie osobniki poddawane krzyżowaniu posiadały tę samą długość chromosomów, zgodnie z klasycznym algorytmem genetycznym, należy wykonać dodatkowe operacje modyfikujące ich kod genetyczny. Propozycja rozwiązania powyższego problemu jest opisana w rozdziale 4.1.

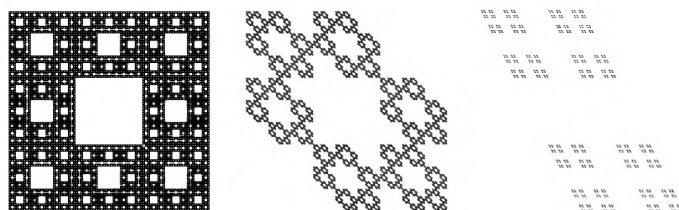
Algorytmy genetyczne nie narzucają sztywno reguł, według których populacja musi być zbudowana. Niektóre sposoby tworzenia nowej populacji zakładają tworzenie jej z osobników skrzyżowanych oraz zmutowanych. Istnieją jednak sposoby pozwalające łączyć w populacji nowe osobniki oraz dobrze przystosowane osobniki z populacji wcześniejszej. Tego typu taktyka eliminuje cofnięcie się na drodze do rozwiązania problemu, a więc ogranicza wygenerowanie osobników mniej przystosowanych, niż najlepszy osobnik z wcześniejszych populacji. Ponieważ krzyżowanie i mutacja mają w swej podstawie element losowości, jest to możliwe. Wydłuża to tym samym czas działania algorytmu, co w sposób oczywisty jest niekorzystne.

#### **4.1. Adaptacja operatora krzyżowania**

Działanie operatora krzyżowania polega na stworzeniu co najmniej dwóch osobników potomnych z co najmniej dwóch osobników rodziców. W skład genotypu osobników potomnych wchodzi fragmenty genotypu rodziców. Algorytm działa na tych samych zasadach, gdy materiał genetyczny składa się z jednego wektora (chromosomu) bądź zestawu wektorów jak w przypadku zakodowanej tablicy IFS.

Działanie algorytmu nie bierze pod uwagę kolejności obu osobników, więc można je dowolnie zamieniać miejscami. Operator krzyżowania przeważnie działa na osobnikach o tej samej długości chromosomów, jednakże w przypadku badań wykonanych na potrzeby niniejszej pracy jest to często niemożliwe. Algorytm genetyczny wymaga odpowiedniej modyfikacji, aby mógł działać poprawnie dla opisywanego przypadku. Przed przystąpieniem do procesu krzyżowania należy przeprowadzić operacje mające na celu wyrównanie liczby przekształceń u obu osobników. Przy skróceniu materiału genetycznego osobnika posiadającego dłuższe chromosomy traci się wraz z tą operacją część informacji (rys. 41), co skutkuje zupełną zmianą

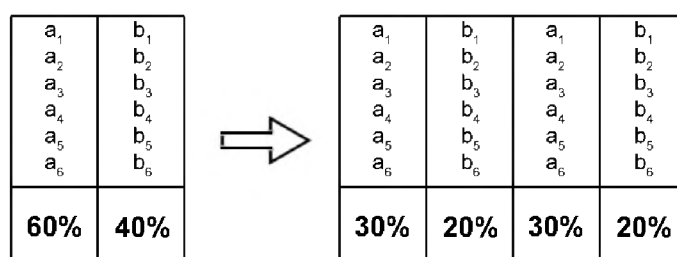
obrazu fraktala. Przez takie działanie istnieje duże prawdopodobieństwo utracenia wysoko ocenianych, czyli poszukiwanych cech wizualnych osobnika. Rozwiązaniem może być skalowanie krótszych chromosomów, aby je dopasować do chromosomów dłuższych. Operacja ta nie skutkuje utratą danych, o ile skalowanie przeprowadzane jest w odpowiedni sposób.



Rysunek 41. Od lewej: Dywan Sierpińskiego składający się z 8 przekształceń oraz fraktale stworzone na jego podstawie posiadające 6 i 4 przekształcenia.

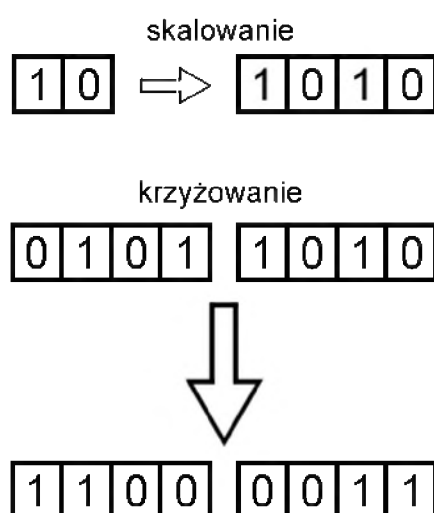
Ponieważ każdy zakodowany genotyp IFS posiada dokładnie sześć chromosomów kodujących przekształcenia afiniczne oraz jeden chromosom kodujący prawdopodobieństwo, wystarczy powielić wszystkie dane, aby długość chromosomów obu osobników była taka sama. Należy również zmodyfikować odpowiednio ostatni chromosom, aby suma genów w nim zapisanych dawała wartość 1. Przykład takiej operacji obrazuje rys. 42. Generowanie osobnika w oparciu o przeskalowany materiał genetyczny wygląda identycznie jak przy korzystaniu z nieprzeskalowanego genotypu. Operacja nie powoduje utraty informacji i nie zmienia w żadnym stopniu fenotypu osobnika.

Skalowanie wygląda identycznie dla dowolnej długości chromosomu fraktala (rys. 43). Gdy osobnik początkowy jest długości 2, po przeskalowaniu zmienia swą długość na 4, 6 lub 8. Odpowiednio dla chromosomów o długości 3 są to wartości 6, 9 i 12. Zwielokrotnienie długości obu chromosomów do wspólnej wartości 6 byłoby najlepszym rozwiązaniem, jednakże zastosowanie tego rozwiązania do osobników o chromosomach długości 5 i 6 znacznie zwielokrotniłoby liczbę danych (wydłużenie chromosomów do 30 zestawów przekształceń). Aby tego uniknąć, skalowanie zwiększa długość chromosomu dwukrotnie i następuje tylko raz przed każdym krzyżowaniem. Może to często powodować, że osobnik o krótszym chromosomie stanie się osobnikiem o chromosomie dłuższym. W takim przypadku krzyżowanie następuje zgodnie z długością krótszego chromosomu i przerywane jest po jej przekroczeniu.



Rysunek 42. Skalowanie tablicy IFS.  $a_i$  i  $b_i$  reprezentują różne wartości przekształceń w 6 pierwszych chromosomach.

Ostatni chromosom nie jest poddawany krzyżowaniu, ponieważ modyfikacja wartości prawdopodobieństwa wymagałaby dodania funkcji naprawczej, która poprawiłaby wartości w taki sposób, aby ich suma dawała dokładnie wartość 1 (100%).



Rysunek 43. Przykładowe skalowanie i krzyżowanie osobnika.

Zwielokrotnienie liczby przekształceń niesie ze sobą dodatkowe możliwości. Proces mutacji i krzyżowania może zadziałać w inny sposób na wydłużony chromosom. Może to spowodować, że struktura osobnika o zwielokrotnionym materiale genetycznym będzie znacznie bardziej złożona niż osobnika niezmodyfikowanego. Należy zauważyć, że krzyżowanie dwóch osobników nie zawsze daje osobnika podobnego do obu rodziców (rys. 45 i rys. 46).



Zwielokrotnienie wszystkich osobników do tej samej liczby współczynników rozwiązałoby problemy występujące w fazie krzyżowania, jednakże taki sposób modyfikacji ograniczyłby przeszukiwany obszar przestrzeni rozwiązań. Część obiektów posiadających jedynie dwa zestawy przekształceń, mimo krótkiego kodu genetycznego, może zawierać w sobie poszukiwane cechy wizualne. Podczas krzyżowania bierze się pod uwagę współczynniki jako liczby rzeczywiste, a nie ich format binarny.

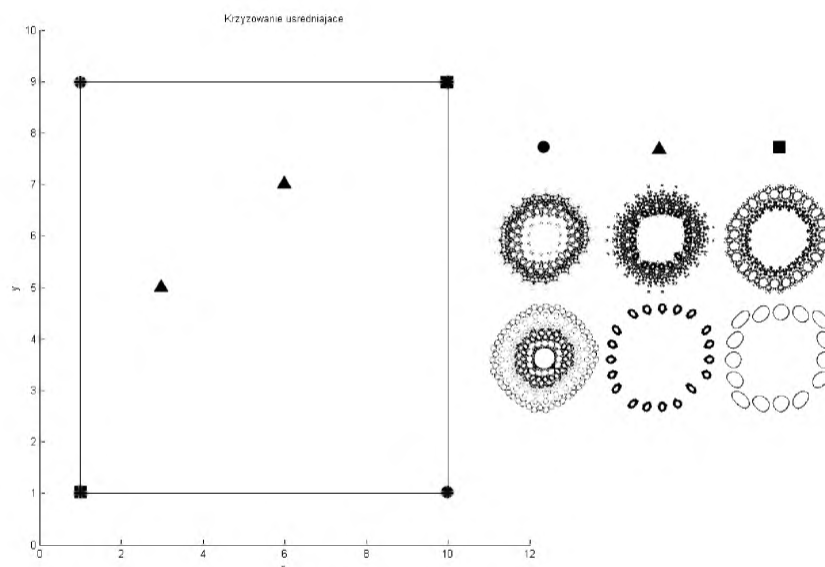
W niniejszej pracy zostały wykorzystane dwie strategie krzyżowania materiału genetycznego:

1. Krzyżowanie wymieniające,
2. Krzyżowanie uśredniające.

Krzyżowanie wymieniające operuje na liczbach rzeczywistych i polega na zamianie współczynników między sobą. Wartości współczynników nie zmieniają swych wartości i nie są dostosowane do pozostałych przekształceń tego samego typu.

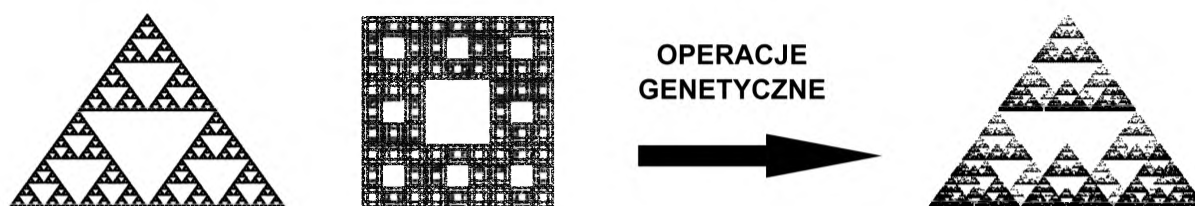
Krzyżowanie uśredniające pozwala na znacznie większą dowolność modyfikacji współczynników. Analizuje ono wartości współczynników. Dokładny mechanizm działania tego rodzaju krzyżowania obrazuje rys. 44, na którym przedstawione są współczynniki  $x$  i  $y$ , które są punktem startowym systemów dynamicznych. Na początku w obu typach krzyżowania wybierana jest para rodziców. Punkty zwizualizowanych rodziców zostały zaznaczone na wykresie. Krzyżowanie uśredniające dopuszcza stworzenie osobników, których współczynniki należą do przedziału liczb mieszczących się w nałożonym na wykres prostokącie. Jak można to zaobserwować liczba możliwych osobników potomnych jest znacznie większa niż w krzyżowaniu wymieniającym.

Jeżeli krzyżowaniu wymieniającemu podlegałyby jedynie dwa współczynniki, możliwe byłyby 4 kombinacje (w tym jedna nie wnosząca żadnych zmian). Podczas krzyżowania uśredniającego liczba kombinacji jest znacznie większa i ogranicza ją jedynie przyjęta precyzja zapisu danych oraz różnica wartości współczynników. Na rys. 44 można zaobserwować różnice wizualne między potomkami (trójkąty i kwadraty) i rodzicami (kółka), a także między samymi potomkami.



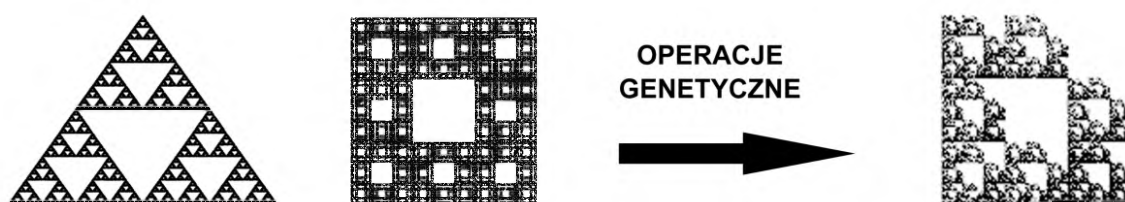
Rysunek 44. Przykład działania algorytmu krzyżowania uśredniającego. Trójkąty i kwadraty przedstawiają parametry punktów  $(x,y)$  osobników powstałych po krzyżowaniu.

Krzyżowanie ma na celu uwydatnienie konkretnych cech osobnika. Dokonując tych operacji można wyróżnić konkretną cechę bądź nadać ją osobnikowi, który był jej pozbawiony. Rys. 45 przedstawia wybranego osobnika potomnego powstałego ze skrzyżowania Trójkąta z Dywanem Sierpińskiego, podobnie jak rys. 46. W strukturze obu potomków można zauważyć pewne podobieństwo do rodziców.



Rysunek 45. Krzyżowanie wymieniające Trójkąta Sierpińskiego z Dywanem Sierpińskiego poprzez zwielokrotnienie współczynników.

W najkorzystniejszym przypadku u konkretnego osobnika można zamienić niepożądaną cechę na poszukiwaną. Krzyżowanie może stworzyć potomka o cechach poszukiwanych i potomka gromadzącego w sobie cechy, które chciało się wykluczyć. Osobnik niepożądany zostanie, z dużym prawdopodobieństwem, pominięty podczas tworzenia kolejnych generacji.



Rysunek 46. Krzyżowanie uśredniające Trójkąta Sierpińskiego z Dywanem Sierpińskiego poprzez zwielokrotnienie współczynników.

#### 4.2. Adaptacja operatora mutacji

Sterowanie mutacją w odpowiednim kierunku jest niemożliwe, zwłaszcza że rozwiązanie problemu nie jest znane. Można kierować intensywnością mutacji poprzez zmianę prawdopodobieństwa wystąpienia modyfikacji.

W pracy wykorzystano mutację binarną oraz mutację dziesiętną. Mutacja dziesiętna wprowadza niewielkie zmiany uwarunkowane prawdopodobieństwem mutacji. Ponieważ operuje ona na liczbach rzeczywistych, skala zmian jest przez cały czas kontrolowana. Wielkość zmian jest zależna indywidualnie od konkretnego osobnika. Biorąc jako przykład szósty chromosom fraktala IFS odpowiedzialny za translację pionową w przypadku Paproci Barnsley'a wartości wynoszą: 0, 1,6 oraz 0,44, natomiast w przypadku Dywanu Sierpińskiego są to powtarzające się wartości 0, 0,33 oraz 0,66. Krzywa Kocha na tej pozycji jest wypełniona wartościami 0. Sprawia to, że pierwszym problemem jest indywidualne określenie właściwej wartości zmian dla każdego fraktala z osobna. Gdy różnice między współczynnikami są niewielkie, skala zmian też powinna być niewielka.

Na rys. 47 został zaprezentowany przykład, w jaki sposób może działać mutacja, dzięki której z jednego fraktala po kilku generacjach można uzyskać inny. Wszystkie stany pośrednie znajdujące się na rysunku, również są fraktalami IFS.



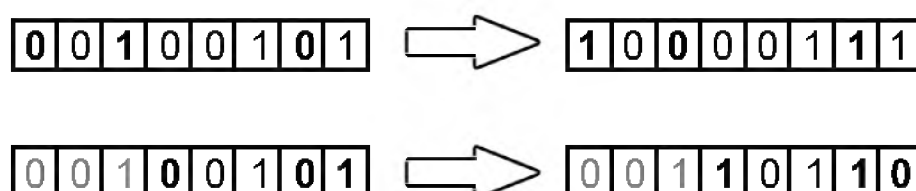
Rysunek 47. Przykładowe działanie mutacji przekształcającej  
Dywan Sierpińskiego w Paproć Barnsley'a.

Wprowadzenie dużych zmian w genomie osobnika często powoduje jego ekspansję w nieprzebadane obszary przestrzeni rozwiązań. Ponieważ fraktal jest delikatnym tworem mającym tendencję wpadania w przedstawione wcześniej anomalie (rys. 39 na str. 54), nie można określić, czy duża mutacja współczynników spowoduje przekształcenie osobnika w anomalię czy w osobnika o niespotykanych wcześniej cechach. Z drugiej strony istnieje ryzyko wykonania mutacji tak niewielkiej, że wizualizacja obu fraktali, przed i po mutacji, będzie dla użytkownika nierozróżnialna.

Rozsądnym rozwiązaniem problemu wyboru typu mutacji było skorzystanie z mutacji dziesiętnej dla ekspansji lokalnej oraz mutacji binarnej dla ekspansji globalnej. Doświadczenia z adaptacją mutacji binarnej zostały przedstawione w publikacji [41]. Najkorzystniejszą modyfikacją algorytmu mutacji binarnej była analiza ciągu binarnego pod względem jego zawartości. Polegało to na zmniejszeniu lub wykluczeniu prawdopodobieństwa mutacji przed napotkaniem pierwszej „1” w ciągu. Jak widać na rys. 48 za każdym razem mutowana jest wartość 100101 (37 w formie binarnej). W pierwszym przypadku mutacja w sposób tradycyjny, może doprowadzić do otrzymania wartości 10000111 (135), czyli ponad trzy razy większej od początkowej. W drugim przypadku ograniczając mutację, jej wpływ jest znacznie mniejszy. Ograniczona mutacja daje wartość 110110 (54), a więc niecałe półtora raza większą od wartości początkowej.

Doświadczalnie operacja mutacji zmniejszyła często skalę zmian w materiale genetycznym, co tym samym zmniejszało prawdopodobieństwo stworzenia osobnika pasującego wizualnie do anomalii [41]. Wszystkie doświadczenia opierały się o ciąg binarny składający się z tej samej liczby cyfr. Wiązało się to z dużą liczbą modyfikowalnych zer w przypadku małych wartości. Z tego powodu mutacja binarna w doświadczeniach zawartych w niniejszych pracy zamienia współczynniki na ciąg binarny o minimalnej możliwej długości. Dzięki temu, każda

modyfikacja chromosomu, wpływająca na zmianę zakresu badania przestrzeni rozwiązań, ogranicza również częstą degradacyjną naturę operatora, w przypadku małych wartości współczynników.



Rysunek 48. Tradycyjna mutacja binarna (u góry) i ograniczona mutacja binarna (na dole).  
Po lewej znajdują się osobniki przed mutacją, po prawej – po mutacji.

Biorąc pod uwagę mutację dziesiętną, przed jej uruchomieniem należy ustalić wielkość zmiany, jaka zostanie wprowadzona we współczynniki. Trudno określić jej wielkość, gdy chromosom jest wypełniony tylko wartościami „0”. Nie można uzyskać tej informacji analizując pozostałe współczynniki, ponieważ różne typy współczynników mają inny wpływ na kształt osobnika. Najlepszym rozwiązaniem i często stosowanym w wielu innych problemach, będzie zastosowanie rozkładu normalnego, gdzie średnia oraz odchylenie standardowe obliczane jest ze współczynników osobnika [49]. Każdy współczynnik podlegający mutacji może zostać zmodyfikowany zgodnie ze zmienną losową wygenerowaną w oparciu o stworzony wcześniej rozkład Gaussa.

Ponieważ prawdopodobieństwo wystąpienia mutacji binarnej oraz mutacji dziesiętnej może być zmieniane niezależnie, eksperymenty w niniejszej pracy wskazują w jakich uwarunkowaniach na populację korzystniej wpływa mutacja binarna, a gdzie mutacja dziesiętna oraz jakie wartości prawdopodobieństwa wystąpienia mutacji tego rodzaju są najkorzystniejsze.

#### 4.3. Czynniki wpływające na ocenę rozwiązań

Najtrudniejszym elementem badań staje się zaprojektowanie funkcji dopasowania, zwanej inaczej funkcją przystosowania (ang. *fitness function*).

Celem badań jest wykorzystanie algorytmu genetycznego do odnalezienia osobników fraktalnych, których kształt będzie spełniał kryteria estetyki. Realizacja tego zamierzenia

wymaga określenia przestrzeni fenotypu. Określenie liczbowe umożliwia wartościowanie osobników w populacji i zautomatyzowanie procesu oceny, która umożliwi działanie algorytmu genetycznego jako metody optymalizacji rozwiązań.

Jedną z najbardziej formalnych prób określenia estetyki, z jaką można spotkać się w literaturze, przedstawia wzór (23), gdzie estetyka  $M$  to iloraz porządku  $O$  i złożoności  $C$  [12]:

$$M = \frac{O}{C}. \quad (23)$$

Wzór (23) opiera się głównie na geometrycznych cechach obrazu. Porządek może być opisany jako symetria, równowaga i harmonia [11]. Jako złożoność można określić tak wizualną komplikację struktury obrazu, jak i złożoność obliczeniową wymaganą podczas procesu wizualizacji. W literaturze można znaleźć również inne modyfikacje powyższego wzoru [26, 65]. Określenie wartości  $O$  oraz  $C$  może wiązać się z subiektywną oceną obrazu, dlatego w niniejszej pracy określono cechy niezależne od obserwatora, ale wpływające pozytywnie na estetykę modyfikowanego osobnika.

#### 4.3.1. Wymiar pudełkowy

Istotną cechą, która zostanie wzięta pod uwagę, jest bardzo dobrze opisany matematycznie wymiar fraktalny. Termin „wymiar fraktalny” lub „wymiar samopodobieństwa” i zasady jego obliczania zostały zaproponowane przez Benoît Mandelbrota i były jednym z rozwiązań służących do obliczenia długości linii brzegowej Wielkiej Brytanii, w oparciu o dowolną zadaną dokładność [27]. Jednym ze sposobów obliczania wymiaru fraktalnego jest wymiar pudełkowy, którego zasada jest bardzo prosta pod względem obliczeniowym. Fraktale tworzone w przestrzeni dwuwymiarowej posiadają wymiar w przedziale od 1 (prosta) do 2 (figury płaskie).

Dowolny fraktal zostaje pokryty tzw. pudełkami, stąd też pochodzi nazwa tego wymiaru. Po pokryciu przestrzeni pudełkami o danej skali zlicza się liczbę niepustych przecięć pudełek i obszarów należących do fraktala. Skala określająca wymiar pudełek zmniejsza się z każdą kolejną iteracją. Następnie wykorzystując regresję liniową, określa się nachylenie prostej przechodzącej w pobliżu punktów na wykresie logarytmicznym liczby wypełnionych pudełek do skali [21].

Istnieją również przypadki wygenerowania fraktali składających się z kilkudziesięciu punktów na tak małej powierzchni, że wartość wymiaru pudełkowego jest mniejsza niż 1 [42]. Nie jest to związane z liczbą punktów generujących taki wzór, ponieważ po kilku iteracjach, kolejne punkty nakładają się na siebie. Ze względu na sposób generowania fraktali („Gra w Chaos”), w którym wzory składają się z punktów (pikseli), wartość wymiaru pudełkowego dla wizualnie identycznych obiektów może się nieznacznie różnić. Problem można rozwiązać zwiększeniem liczby iteracji podczas generowania wzorów, jednakże nakład dodatkowego czasu działania algorytmu w stosunku do dokładności obliczonego wymiaru jest zbyt wysoki przy dużej liczebności populacji.

#### **4.3.2. Symetria, rozpiętość, ciągłość**

Kolejne cechy, których identyfikację można zaimplementować, to między innymi symetria, rozpiętość oraz ciągłość. Należy również określić, które z możliwych do zaimplementowania cech można wykorzystać.

Symetrię można podzielić m.in. na osiową i spiralną, która w zależności od wygenerowanego wzoru może dawać różne wyniki, przy czym spełnienie obu symetrii nie jest możliwe. Najlepiej w takim przypadku wybrać wyższą ocenę symetrii, która będzie obliczana w skali procentowej. Ocenę opierającą się na symetrii wykorzystano w artykule [67].

Sposób oceny najlepiej przedstawić na przykładzie symetrii osiowej. Przede wszystkim posiadając zwizualizowany wzór należy określić środek ciężkości fraktala, przez który przebiegać będzie prosta. Następnym krokiem jest analiza punktów znajdujących się po jednej oraz drugiej stronie prostej w identycznych odległościach i na zwierciadlanych pozycjach. Gdy każdy punkt posiada swój odpowiednik po drugiej stronie podziału, wymiar symetrii wynosi 1 w przypadku połowy punktów, wynosi 0,5, natomiast gdy żaden punkt nie posiada swego odpowiednika, symetria wskazuje wartość 0. Należy zaznaczyć, że, podobnie jak przy złotym podziale, percepcja człowieka przyjmuje pewną niedokładność, dzięki czemu symetria jest zauważalna również przy wartościach mniejszych niż 1.

Sposób generowania fraktali polegający na „Grze w Chaos”, wprowadza pewną niedokładność ewaluacji wartości symetrii. Przy niewielkich zmianach położenia punktów, które wizualnie pasują do siebie, nie zostaną za takie uznane przez algorytm analizujący tę cechę. Z tego powodu należy wprowadzić parametr decydujący, z jaką dokładnością analizowane jest

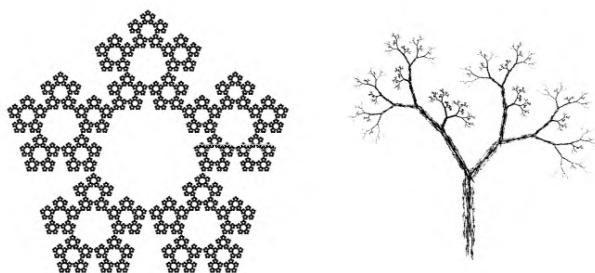
położenie punktów względem siebie. Osiągnięcie 100% symetrii jest bardzo mało prawdopodobne, dlatego można uznać, że wartości powyżej 80% oznaczają symetrię. Zasada zmniejszenia rozdzielczości musi być stosowana do wszystkich algorytmów analizujących strukturę obrazu. Zamiast analizy pojedynczych punktów, brane pod uwagę jest sąsiedztwo punktu. W przypadku pikseli jest to 8 punktów sąsiadujących, przy rozdzielczości 1024x1024, a więc na powierzchni przekraczającej 1 milion punktów.

Kolejnymi cechami, dla których można określić wartość liczbową są:

- rozpiętość,
- spójność,
- łączność,
- charakterystyka krawędzi.

Ponieważ nazewnictwo cech w rozumieniu niniejszej pracy może być niejasne, zostały one szczegółowo omówione.

Wartość rozpiętości określa się w oparciu o rozmieszczenie przeskalowanego fraktala do zadanego obszaru przestrzeni. Im większą przestrzeń zajmuje fraktal tym większa jest rozpiętość. Obszar w bliskiej okolicy środka fraktala może być pusty, ponieważ nie jest on brany pod uwagę przy obliczaniu tej cechy (rys. 49). Niższe wartości parametru rozpiętości posiadają fraktale spłaszczone względem dowolnej osi.



Rysunek 49. Po lewej fraktal o większej wartości rozpiętości, po prawej o większej wartości spójności.

Wymiar spójności zaproponowany w pracy jest określany również na podstawie przestrzeni, jaką zajmuje fraktal, jednakże w przypadku tej cechy obszar w obrębie środka ma większe znaczenie i powinien być równomiernie wypełniony punktami należącymi do fraktala.



W przypadku obliczania wartości cechy łączności, nie ma znaczenia przestrzeń, jaką zajmuje fraktal, ale to, czy jego elementy stanowią ciągłą całość osobnika (rys. 50).



Rysunek 50. Po lewej fraktal o niskiej wartości łączności, po prawej o wysokiej wartości łączności.

Kolejna cecha określa rodzaj zewnętrznej krawędzi osobnika. Analizuje się w tym przypadku, czy wzór posiada ostre czy gładkie krawędzie i przypisuje osobnikowi konkretną wartość, która, podobnie jak powyższe, może być brana pod uwagę z konkretną wagą wynikającą z modelu statystycznego opisanego w następnym rozdziale.

Wszystkie z proponowanych wyżej cech wiążą się częściowo ze sobą, dzięki czemu ich połączenie może znacznie zaniżyć lub podwyższyć oceny wynikające z symetrii lub wymiaru pudełkowego. Opisane cechy stanowią ważone czynniki funkcji oceny. Wybór oraz istotność poszczególnych cech zostały opisane w kolejnym rozdziale.

#### 4.3.3. Funkcja oceny

Projektowanie wzorów użytkowych, opartych na strukturach fraktalnych, o niebanalnych cechach jest problemem istotnie trudnym, ze względu na pojęcie estetyki. Trudność polega przede wszystkim na ocenie piękna wzoru użytkowego, które w rzeczywistości jest niedefiniowalne i różnie pojmowane przez ludzi. Wobec tego pojawia się problem precyzji i jednoznaczności definicji istoty estetyki, która mogłaby być zaakceptowana przez każdego człowieka.

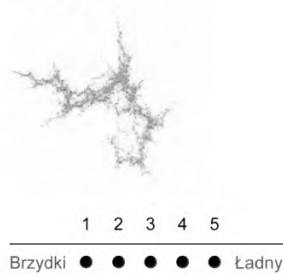
Każda próba sformalizowania definicji piękna niesie ze sobą ryzyko powstania kontrprzykładów, których negacja jest w gruncie rzeczy niemożliwa. Istotą problemu jest wybór właściwych cech, których ocena może być powiązana z wartością estetyki wzoru. Zostały one opisane w poprzednim podrozdziale.

Rozwiązaniem tych problemów może być użycie analizy statystycznej dotyczącej oceny estetyki fraktalnych wzorów użytkowych dokonanych przez pewien zbiór osób. Badania wykonane na potrzeby tej pracy zostały przeprowadzone na grupie 100 osób. Ankieta została podzielona na dwie części. Pierwsza część przedstawiała serię 30 nieruchomych, dwuwymiarowych, niepowiązanych ze sobą wizualizacji przybliżeń fraktali (rys. 51).

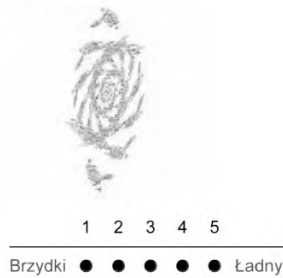
**Obraz 12**



**Obraz 13**



**Obraz 14**

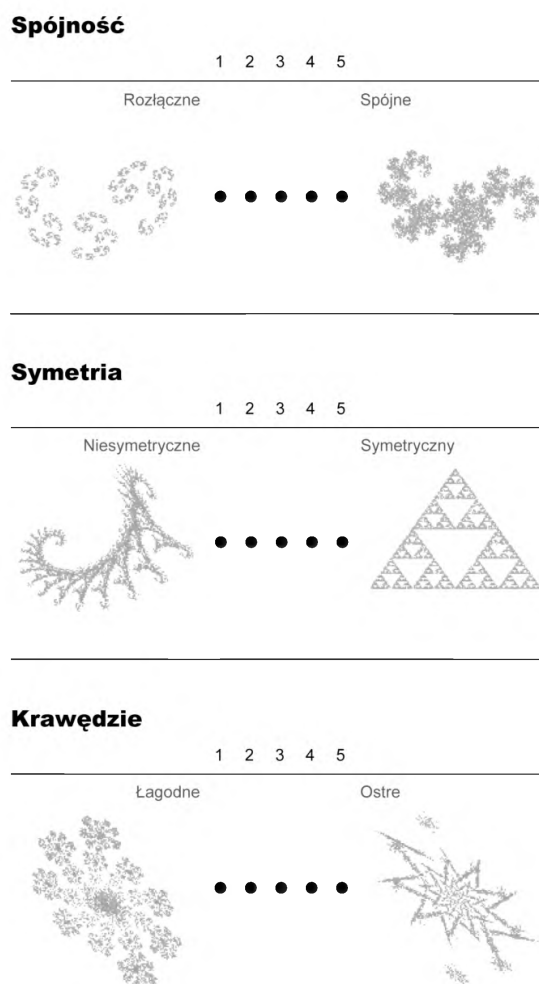


Rysunek 51. Fragment ankiety dotyczący oceny fraktali.

Wzory zostały wygenerowane za pomocą metod opisanych w pracy, które w późniejszym etapie rozbudowane zostały o funkcję oceny. Obrazy zostały wybrane losowo, bez wstępnej

subiektywnej oceny. W ankiecie zostały one ułożone w sposób losowy i poza obrazem nie niosły ze sobą żadnych dodatkowych informacji, aby odpowiedź respondenta nie była w żaden sposób sugerowana. Celem ankietowanego była jego subiektywna ocena, czy przedstawiony obraz jest według niego ładny czy brzydki, wyrażona w skali ocen od 1 do 5 [44].

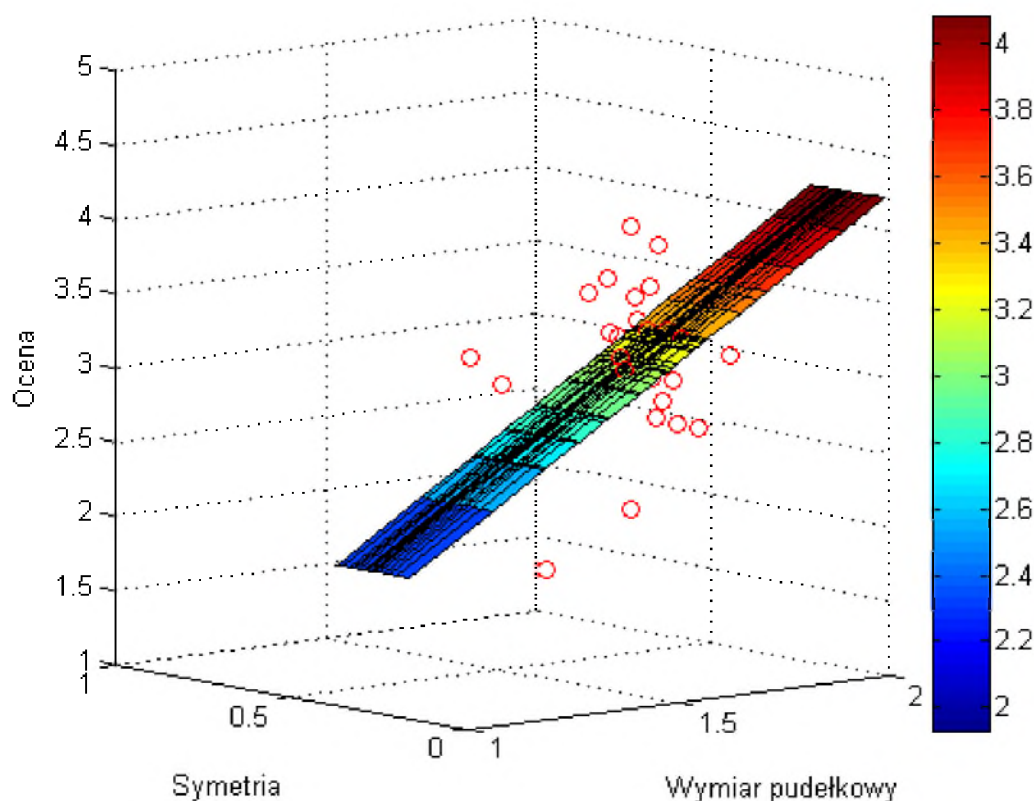
Druga część ankiety dotyczyła wybranych cech obrazu, które można było wizualnie rozróżnić (rys. 52). Poza oczywistymi cechami takimi jak symetria, łączność, spójność, ostrość krawędzi, zostały podane również cechy osiągalne jedynie dla percepcji człowieka. Były to między innymi złudzenie ruchu, efekt trójwymiarowości, naturalność kształtu.



Rysunek 52. Fragment ankiety dotyczący preferencji odnośnie konkretnych cech wizualnych fraktala.

Na podstawie pozyskanych danych uwzględniających wszystkie opisane wcześniej cechy fraktali wykonana została funkcja oceny estetyki. Z zaproponowanych wcześniej cech wpływających na ocenę estetyczną fraktalnych wzorów użytkowych, poza wymiarem pudełkowym oraz symetrią, została wybrana cecha określająca ostrość krawędzi.

Analiza wyników ankiety pod kątem preferowanych cech była najmniej zróżnicowana w przypadku cechy ostrości krawędzi. Ignorując oceny o wartości 3, które określają niezdecydowanie respondenta, w większości ocenianych cech różnica ocen większych i mniejszych od 3 jest najwyżej dwukrotna. W przypadku ostrości krawędzi różnica między wynikami jest ponad czterokrotna. Fakt ten zdecydował o wyborze cechy ostrości krawędzi jako cząstkowej wartości funkcji oceny.



Rysunek 53. Regresja liniowa zależności między symetrią i wymiarem pudełkowym a oceną fraktala.

Funkcja oceniająca została skonstruowana w oparciu o wielowymiarową regresję liniową (24), (25), (26) (rys. 53). Precyzyjna postać funkcji oceny jest konieczna ze względu na to, iż

fraktale tworzone za pomocą zestawu współczynników są strukturami bardzo wrażliwymi na zakłócenia.

Statystyczna funkcja oceny ma postać:

$$Y = b_0 + b_1 X_1 + b_2 X_2 + \dots + b_i X_i, \quad (24)$$

gdzie  $Y$  to ocena,  $X_i$  to cechy,  $b_i$  to współczynniki regresji, w zapisie macierzowym:

$$b = (X^T \cdot X)^{-1} \cdot X^T \cdot Y, \quad (25)$$

gdzie  $b$  to wektor wartości współczynników regresji,  $X$  to wektor cech,  $Y$  to wektor ocen.

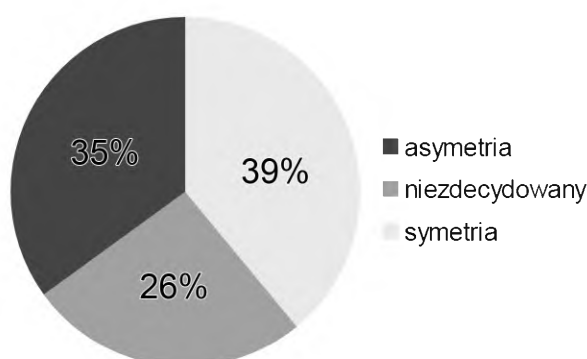
Na podstawie danych z ankiet została znaleziona następująca funkcja oceny estetyki:

$$Y = 117,21 + 124,99 \cdot X_1 - 5,34 \cdot X_2 - 1,95 \cdot X_3, \quad (26)$$

gdzie  $X_1$  to wymiar pudełkowy,  $X_2$  to wartość liczbową symetrii,  $X_3$  to wartość liczbową ostrości krawędzi fraktala.

Model został potwierdzony testami t-Studenta. Jako zaletę algorytmu zastosowanego w niniejszej pracy należy podać pełną automatyzację procesu tworzenia wzorów określonych, na podstawie modelu statystycznego, za „ładne”.

Stworzony model przybliży trudną do definiowania istotę pojmowania estetyki. Duży wpływ na wybór fraktala miał jego wymiar pudełkowy. Część wcześniej opisanych cech nie może być jednoznacznie określona za pożądane, jak między innymi symetria i asymetria (rys. 54). Tak utworzony model będzie stanowić funkcję oceny wykorzystywaną w algorytmie genetycznym.



Rysunek 54. Wyniki ankiety odnośnie oceny istotności występowania symetrii.

Praca przedstawia jeden z możliwych wzorów oceny, w którym została uwzględniona jedynie część opisanych cech. Korzystając z wyników przeprowadzonej ankiety można tworzyć inne funkcje oceny z większą bądź mniejszą liczbą parametrów, która później może zostać zastosowana do oceniania wzorów użytkowych. To zagadnienie będzie w przyszłości rozwijane badawczo.

Część cech takich jak wrażenie ruchu lub trójwymiarowości jest iluzją odbieraną przez człowieka, przez co ich opis matematyczny jest trudny lub nawet niemożliwy.

Kompletna treść ankiety wraz z wynikami znajduje się w dodatkach dołączonych do pracy na płycie DVD.

## Rozdział 5 – Eksperymenty

Przed opisem przeprowadzonych doświadczeń zostanie przedstawiona kolejność uszeregowania wszystkich badań wraz z głównym celem ich przeprowadzenia.

1. Losowość. Badanie wpływu losowo wygenerowanej populacji na kolejne generacje. Z badania wynika przyczyna wyboru do stworzenia populacji początkowej osobników nisko ocenionych, zamiast losowych.
2. Krzyżowanie. Wpływ parametru prawdopodobieństwa wystąpienia krzyżowania na kolejne generacje. W badaniu zostało zastosowane niezależnie krzyżowanie wymieniające oraz uśredniające. Podczas trwania eksperymentu pominięty został operator mutacji.
3. Mutacja. Badanie wpływu prawdopodobieństwa wystąpienia mutacji na rozwój populacji. Zastosowano niezależnie mutację binarną oraz dziesiętną. Operator krzyżowania został pominięty.

Doświadczenie 2. oraz 3. w celu porównania zostało wzbogacone o próbę kontrolną, pomijającą operatory krzyżowania oraz mutacji. Na budowanie kolejnych generacji w próbie kontrolnej miała wpływ jedynie selekcja.

4. Badanie porównuje działanie różnych operatorów krzyżowania oraz mutacji o najlepszych parametrach ustalonych w badaniu 2. oraz 3., w każdej możliwej kombinacji. Eksperyment został przedstawiony na jednym rodzaju osobników.
5. Badanie dokładnego rozwoju pojedynczej populacji na przestrzeni 100 generacji. Eksperyment został wzbogacony o wizualizację wybranych generacji.
6. Doświadczenie działania tych samych parametrów na 10 różnych typów systemów dynamicznych (generowanych różnymi wzorami) i fraktale IFS.
7. Badanie wpływu liczby iteracji na wizualizację systemów dynamicznych. Eksperyment został przedstawiony na jednym rodzaju osobników.
8. Badanie wpływu różnej liczby iteracji na osobniki populacji końcowej dla tego samego systemu dynamicznego. Eksperyment rozszerza badania z poprzedniego punktu.

9. Eksperyment wpływu liczebności osobników populacji na jej rozwój. Wyniki zostały przedstawione na jednym rodzaju osobników.
10. Badanie porównuje działanie różnych rodzajów selekcji: koła ruletki, selekcji turniejowej i selekcji rangowej. Eksperyment został przedstawiony na jednym rodzaju osobników.

Każda iteracja działania algorytmu polega na:

- wygenerowaniu punktów tworzących fraktale,
- obliczeniu oceny w oparciu o cechy wizualne każdego fraktala,
- selekcji,
- krzyżowaniu i mutacji.

Konfiguracja maszyny obliczeniowej została podana w tabeli 4. Na osobnika przypada 40 tys. punktów. Na populację składającą się ze 100 osobników przypada 4 mln punktów. Osobnik poddawany ocenie jest analizowany w rozdzielczości 1024x1024 pikseli.

*Tabela 4. Konfiguracja komputera wykorzystanego w badaniach*

System operacyjny	Microsoft Windows 8.1 Professional
Środowisko programistyczne	Processing 1.5.1 Java Version 8 Update 31 OpenGL 4.5.0
Procesor	Intel i7 5820K 3,3 GHz 6 rdzeni (12 wątków logicznych)
Płyta główna	Chipset X99 Czterokanałowa obsługa pamięci
Pamięć RAM	DDR4 4x4 GB 2 800 MHz
Dysk	SSD SATA 3
Karta graficzna	nVidia GTX 460 1430MHz 7 rdzeni



Doświadczenia przedstawiają uśredniony wynik dla statystycznie dużej liczby prób (30) na przestrzeni 100 generacji, przy stałych parametrach początkowych dla pojedynczego badania.

Wszystkie dane prezentowane na wykresach są danymi punktowymi, jednakże w celu łatwiejszej obserwacji trendu, zostały przedstawione w sposób liniowy.

Przedstawienie w pracy wizualizacji wszystkich populacji jest niemożliwe, dlatego ze zbioru wszystkich wyników wybrano przykładowe populacje. Kompletne zestawy wyników zostały umieszczone na płycie dołączonej do pracy.

Ocena została znormalizowana w oparciu o początkowe obserwacje jej zakresu, dzięki czemu wszystkie jej wartości są z przedziału  $[0,1]$ . Najniższą zaobserwowaną w badaniach oceną jest wartość bliska 0 (najczęściej 0,02) dla osobników będących anomaliami przedstawiającymi rozsypane chaotycznie punkty, natomiast najwyższą zaobserwowaną oceną jest wartość zbliżona do 1. Dla przejrzystości, wartość oceny podawana jest z dokładnością do dwóch miejsc po przecinku.

Liczba osobników w populacji jest stała, za wyjątkiem doświadczenia badającego wpływ liczebności na rozwój populacji. Moduł selekcji domyślnie wybiera 100 osobników, z których tworzona jest kolejna generacja. Selekcja ma możliwość wyboru wielokrotnego, oznacza to, że jeden osobnik może zostać wybrany wiele razy, a inny może zostać pominięty przy budowie nowej populacji. Osobniki po etapie selekcji poddawane są operatorom krzyżowania oraz mutacji, zgodnie z opisem ich działania w poprzednich rozdziałach.

Część wykresów została pogrupowana w celu łatwiejszej obserwacji przebiegu doświadczeń, a legenda została umieszczona tylko na jednym wykresie z grupy.

Fragmenty wybranych badań zostały wcześniej opublikowane w artykule [46].

### **5.1. Populacja losowa**

Klasyczny algorytm genetyczny wykorzystuje losowo wygenerowany zbiór osobników, tworzący populację początkową. Jednakże w publikacji [49] zostało zaproponowane inne rozwiązanie, które może sprawdzić się znacznie lepiej. W celu przyspieszenia początkowych faz działania algorytmu genetycznego, jako populację początkową można zastosować osobniki, które zostały odnalezione w inny sposób.

Spośród 30 użytych wzorów losowe generowanie współczynników populacji początkowej daje akceptowalne rezultaty jedynie w jednym przypadku i dotyczy systemu dynamicznego Barry'ego Martina, nazywanego Hopalong. Wyniki działania uznawane za akceptowalne przedstawiają osobniki o kształtach rozpoznawalnych i możliwych do opisania przez człowieka. Należy wspomnieć jednak, że wartości pseudolosowe wykorzystane w badaniach pochodziły z ograniczonego przedziału  $[-500, 500]$ .

Badanie zostało wykonane zgodnie z założeniami początkowymi opisanymi wcześniej i zostało przeprowadzone na systemie dynamicznym opisanym wzorem (27):

$$\begin{aligned}x_{n+1} &= by_n + f(x_n) \\ y_{n+1} &= f(x_n) - x_n,\end{aligned}\tag{27}$$

gdzie  $(x_n, y_n)$  to współrzędne punktu,  $b$  to parametr biorący udział w krzyżowaniu i mutacji,  $f(x_n)$  przedstawiona jest wzorem (28).

$$f(x_n) = ax_n - \frac{x_n}{a + x_n} + \arctg(ax_n),\tag{28}$$

gdzie  $a$  to parametr biorący udział w krzyżowaniu i mutacji,  $a, b \in \mathbb{R}$

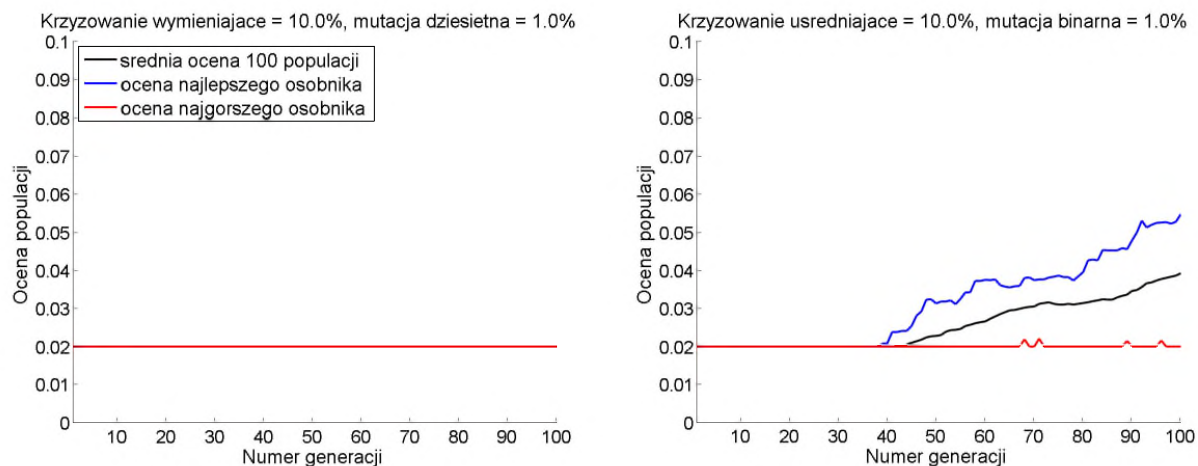
Prawdopodobieństwo krzyżowania wymieniającego oraz uśredniającego zostało ustalone na 0,1, natomiast prawdopodobieństwa obu typów mutacji na 0,01. Jednocześnie aktywny był tylko jeden typ krzyżowania i mutacji.

Zastosowano selekcję metodą koła ruletki.

W celu łatwiejszej obserwacji wykresy przedstawiające wyniki badania (rys. 55) zostały przeskalowane w taki sposób, aby pokazywały tę samą przestrzeń  $[0, 0,1]$ .

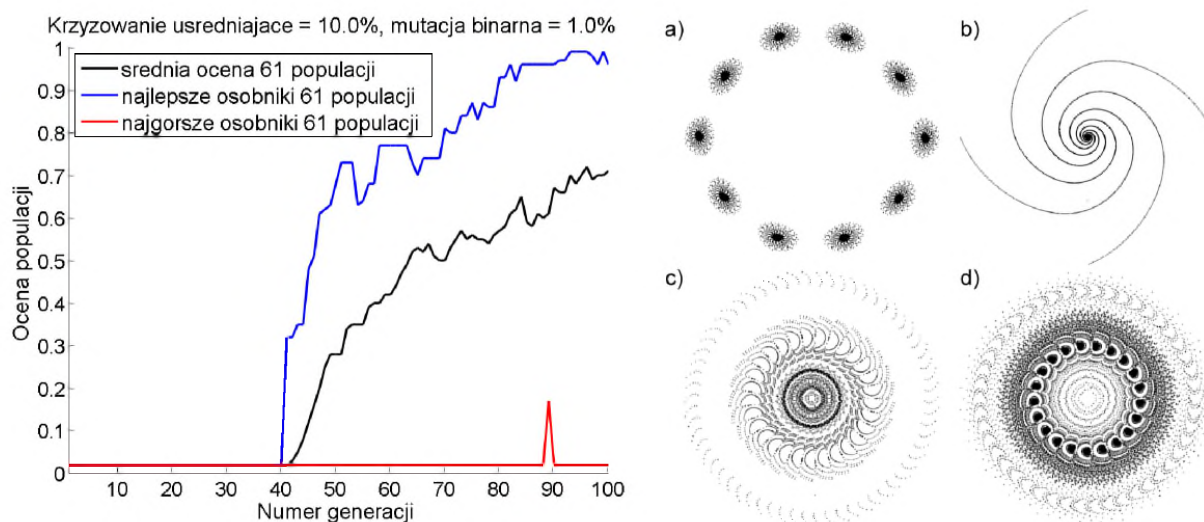
Sformułowanie „średnia ocena” oznacza średnią arytmetyczną ocenę populacji.

Na wykresie (rys. 55) po lewej stronie wszystkie linie pokrywają się, a stan początkowy jest równy stanowi końcowemu. Żadna z 30 populacji nie uzyskała w żadnym momencie wartości wyższej od 0,02.



Rysunek 55. Średnie arytmetyczne oceny osobników, uzyskane z losowych populacji początkowych przy różnych typach krzyżowania i mutacji, zostały zaznaczone na czarno. Oceny najgorszego osobnika populacji zostały zaznaczone kolorem czerwonym, oceny najlepszego osobnika – kolorem niebieskim.

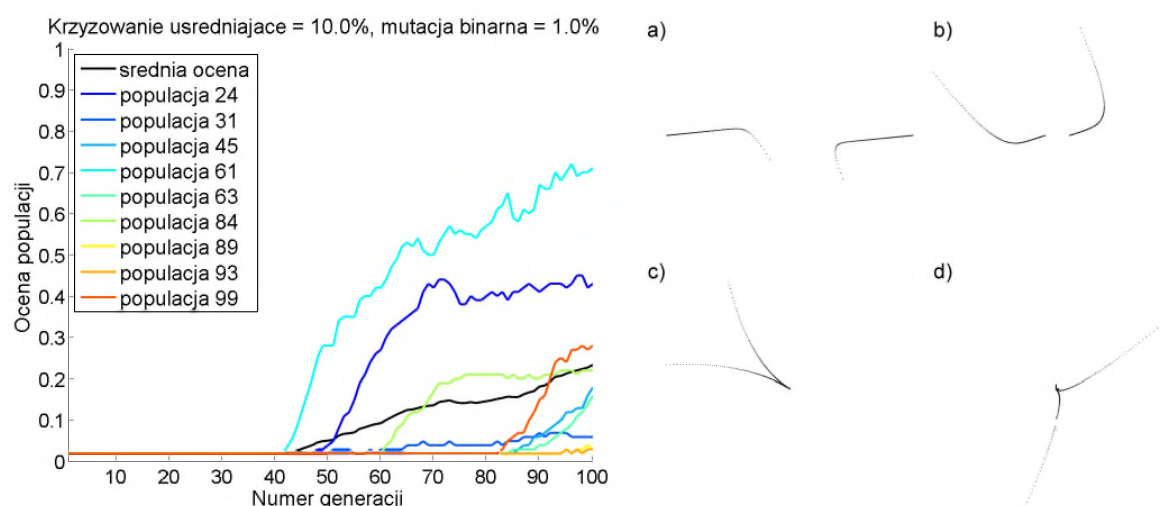
Na potrzeby badania przeprowadzono 100 niezależnych prób na przestrzeni 100 generacji, aby była możliwa analiza pojedynczej próby, a nie tylko średniego arytmetycznego wyniku wszystkich prób. W przypadku wykresu po prawej stronie (rys. 55), na średnią arytmetyczną ocenę wpłynęło 9 spośród 30 populacji, z których najwyższe wyniki miała populacja o liczbie porządkowej 61 (rys. 56).



Rysunek 56. Losowa populacja nr 61 wraz z wybranymi fraktalami o najwyższych ocenach przystosowania. Oceny to odpowiednio: a) 0,82; b) 0,65; c) 0,8; d) 0,91.

Jedynie 3 ze 100 populacji (o numerach: 24, 61, 99) w generacji końcowej dały wizualizacje rozpoznawalnych dla człowieka kształtów (konieczna ocena większa lub równa 0,3).

Wizualizację najwyżzej ocenionych fraktali populacji 24 i 99 oraz średnie arytmetyczne oceny najwyżzej ocenionych populacji przedstawiono na rys. 57.

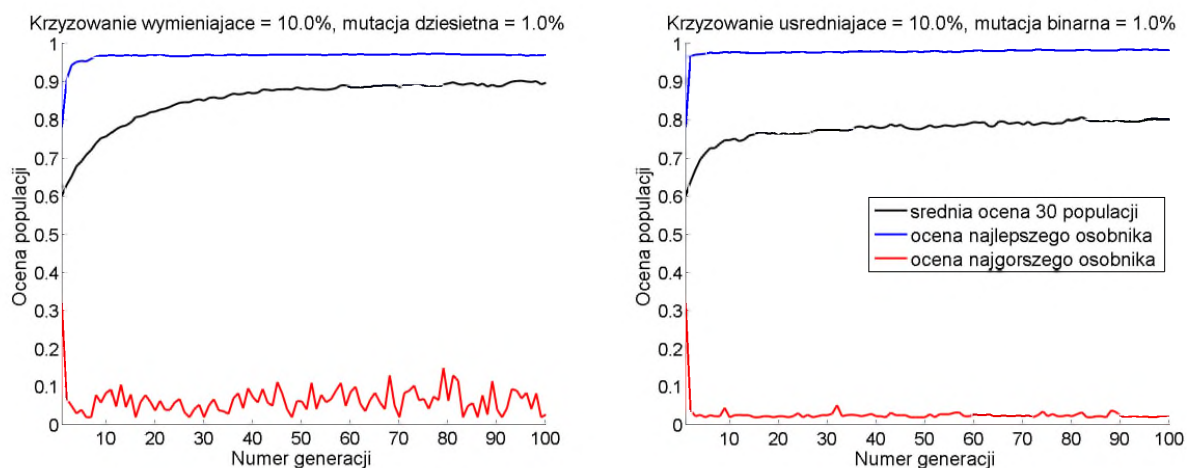


Rysunek 57. Oceny najwyżzej ocenionych losowych populacji z wizualizacją najwyżzej ocenionych fraktali populacji 24 i 99.

Oceny fraktali to: a) 0,46; b) 0,42; c) 0,38 i d) 0,34.

Wykres pomijający wyżej wymienione populacje prezentowałby się analogicznie do lewego wykresu z rys. 55.

Dla porównania rys. 58 przedstawia wyniki badania o tych samych parametrach co w poprzednim doświadczeniu, lecz w tym przypadku populacja początkowa nie jest wygenerowana losowo.



Rysunek 58. Średnie arytmetyczne oceny osobników uzyskane z nisko ocenionych populacji początkowych.

Wykorzystanie różnorodnych osobników nisko ocenionych wpływa pozytywnie na działanie algorytmu i nie powoduje szybkiego zbiegania wyników. Podobne wnioski można odnaleźć w literaturze: „Uważa się, że lepiej jest mutować osobniki słabsze niż rozmnażać je z osobnikami silniejszymi”[53].

## 5.2. Operatory krzyżowania

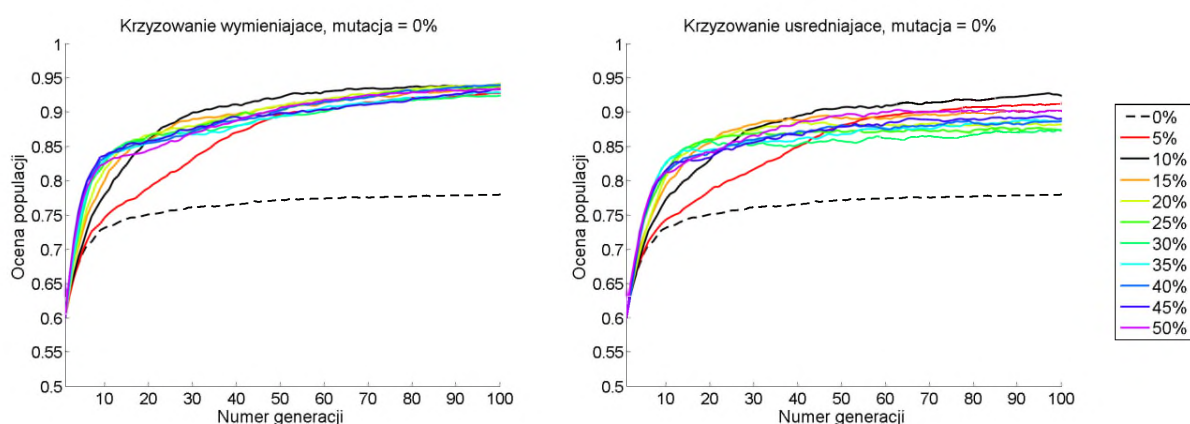
Badanie ma na celu wybór najlepszych parametrów prawdopodobieństwa wystąpienia krzyżowania wymieniającego i uśredniającego. Eksperyment został przeprowadzony na systemie dynamicznym wykorzystanym w poprzednim doświadczeniu. Mutacja w tym doświadczeniu została zupełnie pominięta, aby wpływ parametru wielkości prawdopodobieństwa krzyżowania był bardziej przejrzysty.

Do wykresów z rys. 59 zostały dodane wyniki próby kontrolnej (linia przerywana). Jest to wynik doświadczenia, w którym jedynym procesem wpływającym na populację była selekcja metodą koła ruletki, ponieważ wartości prawdopodobieństwa mutacji oraz krzyżowania zostały ustawione na 0. Populacja w rzeczywistości nie ewoluowała, ale bazowała na tych samych osobnikach, powielając dobrze ocenione fenotypy i usuwając fenotypy ocenione gorzej.

Oceny populacji tworzonych z wykorzystaniem operatora krzyżowania o wartości prawdopodobieństwa większej niż 0 są wyższe niż populacji będącej, opisaną wcześniej, próbą kontrolną. Jest to spowodowane możliwością tworzenia nowych, wyżej ocenionych osobników,

podczas gdy w przypadku próby kontrolnej, generacja końcowa składała się z najwyższej ocenionych osobników wchodzących w skład generacji początkowej.

Wynik prawdopodobieństwa, przy którym uzyskano wyższe wartości oceny niż pozostałe, został zaznaczony kolorem czarnym (rys. 59). W krzyżowaniu wymieniającym można zauważyć, że mimo końcowego wyrównania wyników krzyżowania o różnych parametrach, wartość 0,1, pomimo początkowego wolnego wzrostu, najszybciej ze wszystkich osiąga najwyższą ocenę średnią populacji.



Rysunek 59. Badanie wpływu prawdopodobieństwa krzyżowania na rozwój populacji.

Na rys. 59 krzyżowanie uśredniające (wykres po prawej) przebiega podobnie jak wymieniające (wykres po lewej), jednakże wyniki końcowe średnich ocen populacji są bardziej zróżnicowane. Mimo początkowego powolnego ich wzrostu przy prawdopodobieństwie równym 0,1 (10%), końcowy wynik jest wyższy od wyników przy innych wartościach tego parametru.

Porównując oba rodzaje krzyżowania można zauważyć, że krzyżowanie wymieniające tworzy populacje o średniej ocenie ok. 0,95, natomiast krzyżowanie uśredniające uzyskuje populacje o średniej ocenie zbliżonej do 0,93. Wartości różnią się od siebie w niewielkim stopniu.

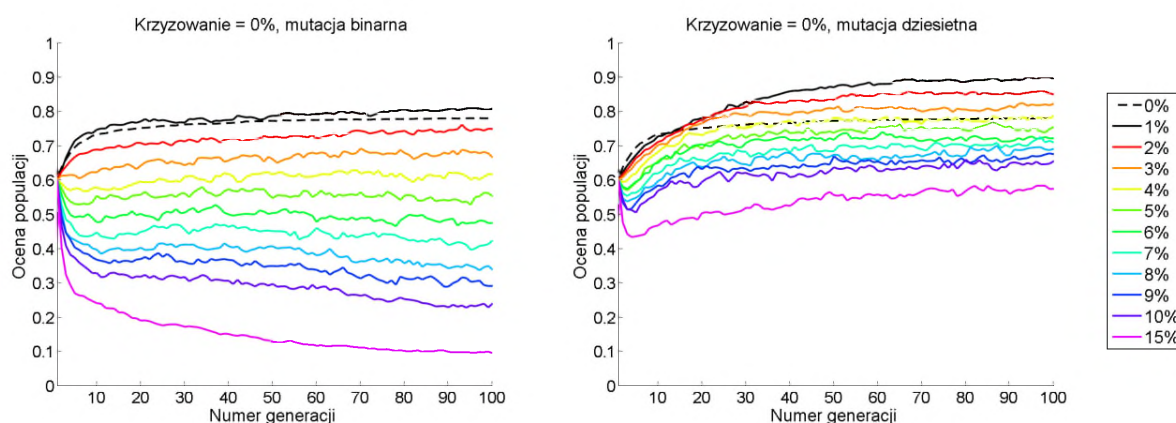
### 5.3. Operatory mutacji

W celu uzyskania wyższych wartości ocen osobników, do operatora krzyżowania można dołączyć operator mutacji binarnej lub dziesiętnej. W celu określenia najlepszych parametrów

prawdopodobieństwa, w niniejszym badaniu zostaje pominięty operator krzyżowania. Mógłby on przeszkadzać w dokładnej analizie końcowego wyniku, poprzez tworzenie nowych osobników poddawanych następnie operacji mutacji i tym samym utrudnić wyciągnięcie poprawnych wniosków. Pomijając operacje krzyżowania, mutacja działa na wyselekcjonowanych i niezmodyfikowanych osobnikach z poprzedniej generacji.

Badanie zostało przeprowadzone na systemie dynamicznym z poprzedniego eksperymentu.

Podobnie jak w poprzednim eksperymencie do wyników została dołączona próba kontrolna wykonana przy wartościach prawdopodobieństwa krzyżowania i mutacji równych 0 (zaznaczona czarną linią przerywaną). Można ją odróżnić od pozostałych wyników, ponieważ jest pozbawiona wahań wartości i przedstawia płynny wzrost. Obserwacja wyników na wykresie (rys. 60) jest łatwiejsza niż w przypadku prawdopodobieństwa krzyżowania.



Rysunek 60. Badanie wpływu prawdopodobieństwa mutacji na rozwój populacji.

Oba rodzaje mutacji dają wyższe wyniki oceny przy niskich wartościach prawdopodobieństwa, w porównaniu do badania pozbawionego operatora mutacji.

Mutacja binarna ze względu na dopuszczalne duże zmiany wartości daje lepsze rezultaty jedynie w przypadku prawdopodobieństwa równego 0,01.

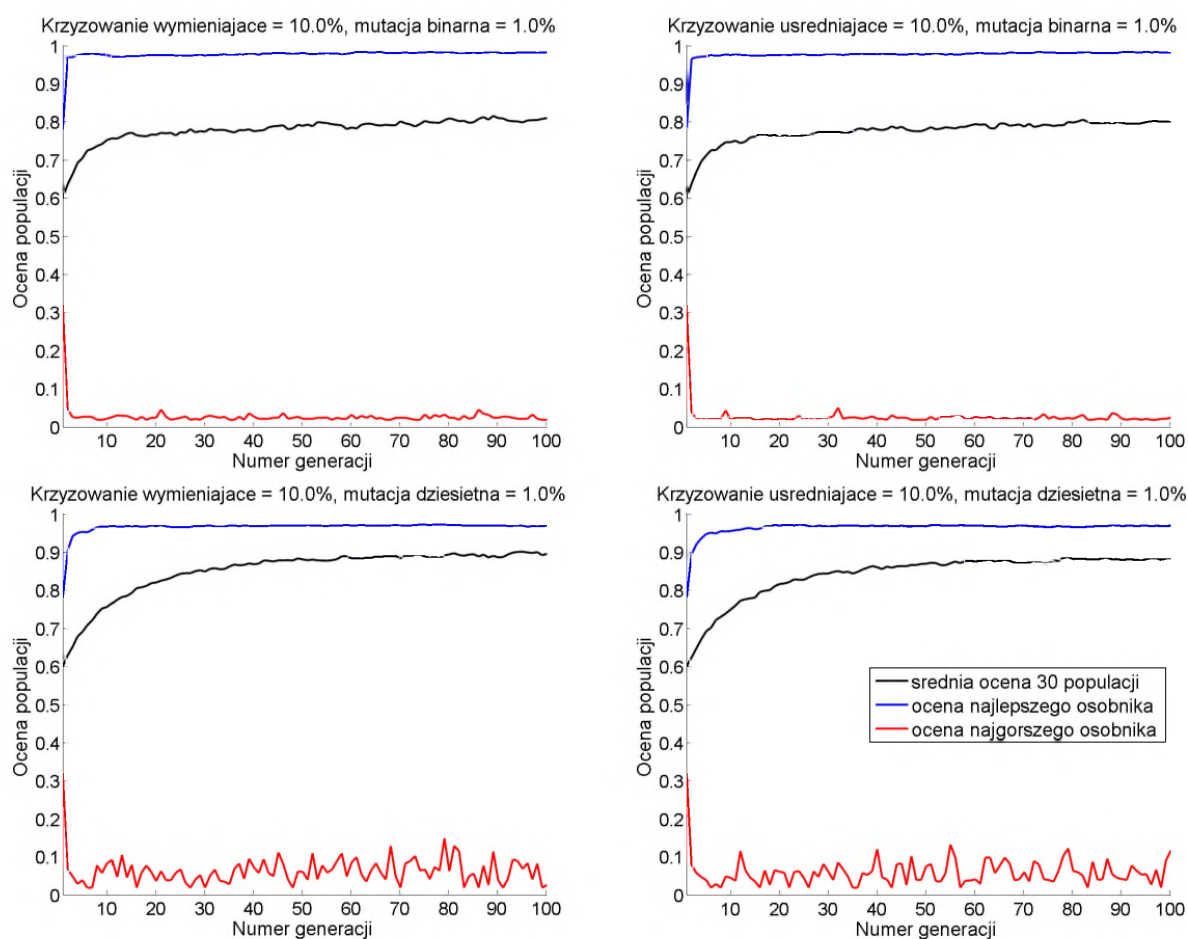
Znacznie lepiej od mutacji binarnej działa mutacja dziesiętna. Pozwala ona osiągnąć wyższe wartości średnich arytmetycznych ocen populacji w porównaniu do wartości z próby kontrolnej. Można wyraźnie zauważyć, że podobnie jak w mutacji binarnej najlepsze rezultaty uzyskuje się przy prawdopodobieństwie równym 0,01. Ze względu na słabszą formę



oddziaływania mutacji dziesiętnej, dobre wyniki operatora występują również przy prawdopodobieństwie równym 0,02 oraz 0,03, w porównaniu do próby kontrolnej. W przypadku badanego systemu dynamicznego niewielkie zmiany genotypu są bardziej korzystne niż duże.

#### 5.4. Operatory krzyżowania i mutacji

Ustalając najkorzystniejsze parametry krzyżowania oraz mutacji, można przeprowadzić doświadczenie określające, jaka kombinacja wartości operatorów daje najlepsze rezultaty.



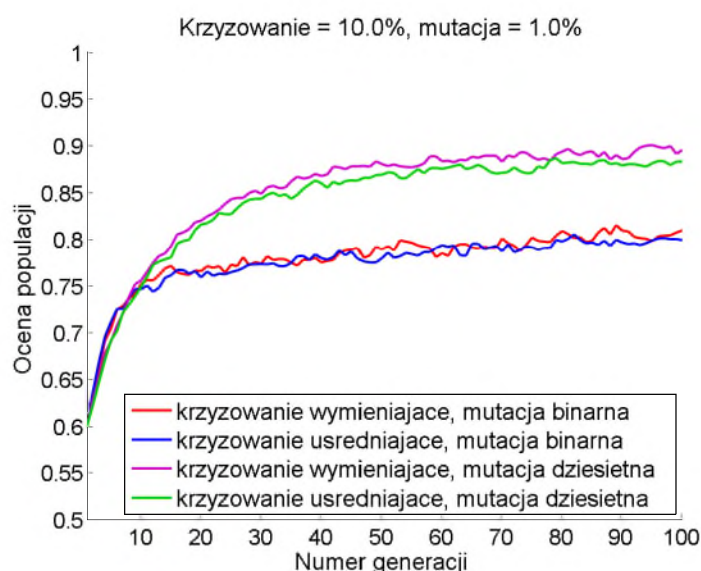
Rysunek 61. Badanie wpływu krzyżowania i mutacji na rozwój populacji.

Wykresy z rys. 61 przedstawiają wszystkie możliwe kombinacje operatorów mutacji oraz krzyżowania z tymi samymi wartościami prawdopodobieństwa (0,1 dla krzyżowania i 0,01 dla mutacji). Do wykresów zostały dodane również średnie arytmetyczne średnich ocen najgorszych i najlepszych osobników 30 populacji. Obserwując najwyższe, najniższe oraz średnie oceny osobników można zauważyć, że w skład populacji stworzonej w oparciu o mutację binarną



wchodzi duża część osobników nisko ocenionych, z powodu których ocena średnia jest niższa niż w przypadku zastosowania mutacji dziesiętnej.

W celu lepszej obserwacji średnie arytmetyczne wartości ocen dla wszystkich możliwych kombinacji typów mutacji i krzyżowania zostały zgrupowane na rys. 62. Zauważyć można, że na wysokość ocen znacząco wpływa wybór typu mutacji. Obserwując jedynie średnią ocenę populacji można uznać, że przy zastosowaniu mutacji binarnej, po 10 generacjach utrzymuje się ona na tym samym poziomie nieznacznie rosnąc. Zastosowanie mutacji dziesiętnej wpływa pozytywnie na dalszy wzrost średniej oceny populacji aż do 60 generacji. Może być to spowodowane mniejszymi modyfikacjami wartości przekształceń osobników, co zmniejsza liczbę nisko ocenionych osobników w populacji.



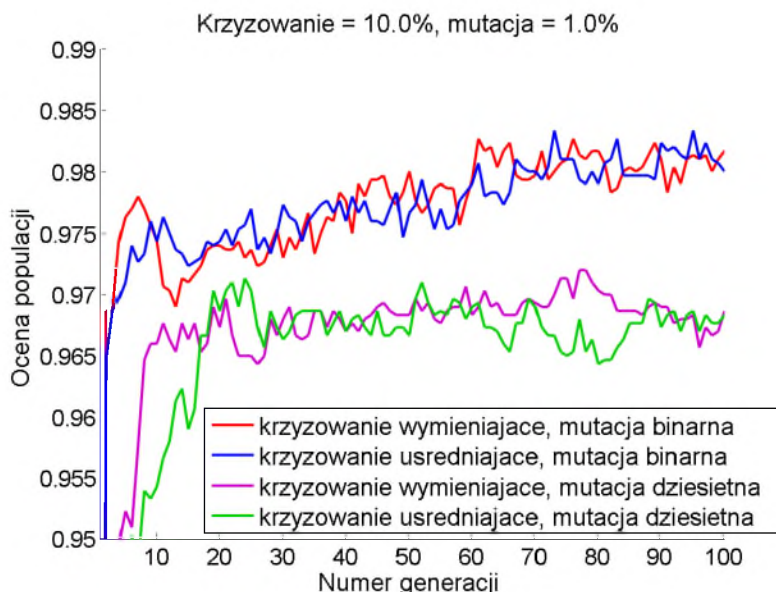
Rysunek 62. Porównanie wpływu krzyżowania i mutacji na rozwój populacji.  
Średnia arytmetyczna z oceny populacji.

Wracając jednak do rys. 61 i zwracając uwagę na ocenę najlepszych osobników widać wyraźnie, że mutacja binarna pozwala szybko uzyskać oceny zbliżone do wartości 1. Podobny efekt mutacja dziesiętna uzyskuje kilka generacji dalej.

Można również zauważyć, że wartości najniżej ocenionych osobników są na podobnym poziomie, jednakże w przypadku mutacji dziesiętnej nie wpadają w stagnację, co może wpływać na odnajdywanie nowych rozwiązań. Może to również wpływać na różnorodność populacji.

Obserwując dokładniej średnie najwyższej ocenionych osobników (rys. 63), można zauważyć, że mutacja binarna znajduje lepiej przystosowane osobniki. Różnica jest niewielka biorąc pod uwagę skalę wykresu. Wyniki różnią się o przybliżoną wartość ocen 0,02.

Podsumowując, algorytm wykorzystujący mutację dziesiętną daje lepsze rezultaty w oparciu o średnie wartości arytmetyczne, co może oznaczać, że w skład populacji wchodzi większa liczba wysoko ocenionych osobników.



Rysunek 63. Porównanie wpływu krzyżowania i mutacji na poszukiwanie osobników wysoko ocenionych.

Algorytm mutacji dziesiętnej posiada większą tendencję do stagnacji i osiadania w lokalnych ekstremach, co skutkuje stworzeniem wysoko ocenionej generacji końcowej, składającej się ze zbliżonych do siebie wizualnie osobników o wysokiej ocenie przystosowania.

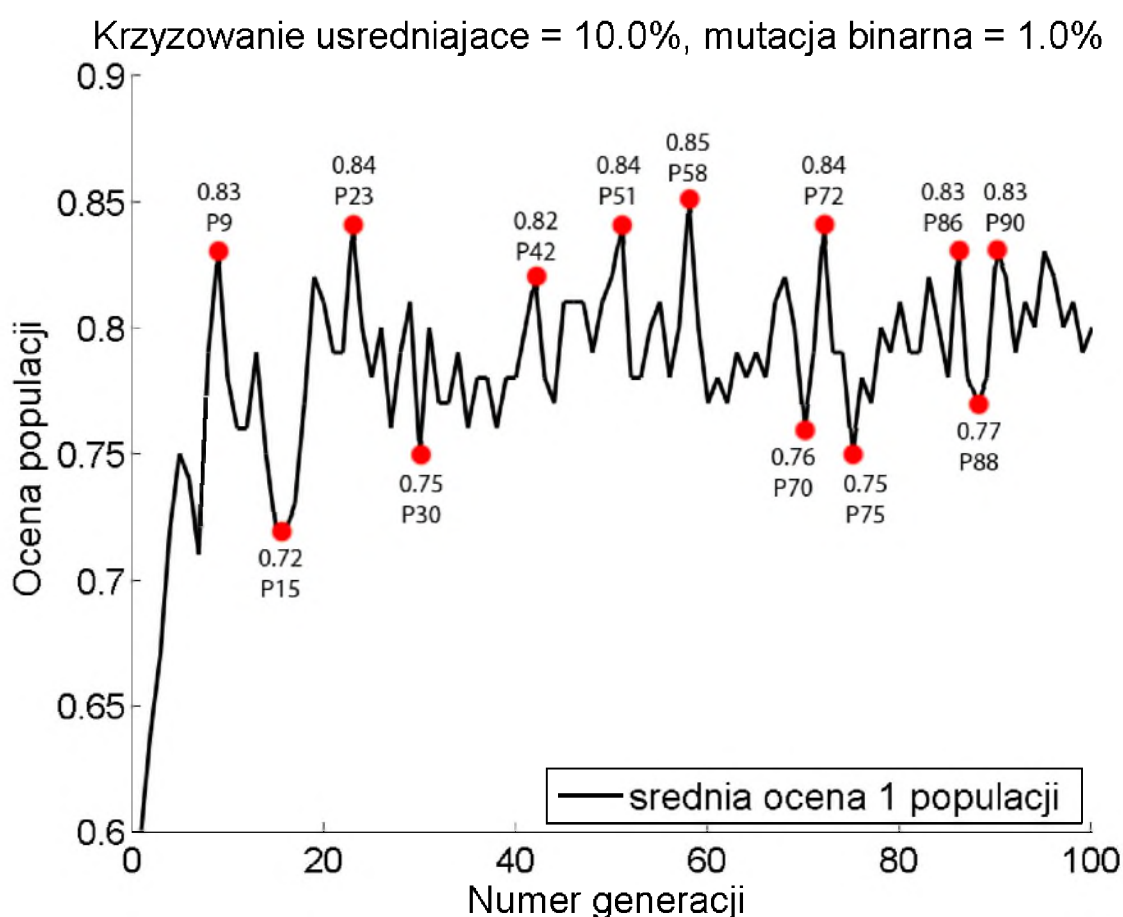
## 5.5. Działanie algorytmu na pojedynczą populację

Ponieważ wszystkie doświadczenia opierają się na dużej grupie 30 przejść algorytmu genetycznego niniejsze doświadczenie przedstawia wynik pojedynczej populacji.

Doświadczenie zostało przeprowadzone na zbiorze osobników Gumowskiego-Miry z użyciem krzyżowania uśredniającego z prawdopodobieństwem 0,1 oraz mutacją binarną o prawdopodobieństwie 0,01.

Ze względu na dużą liczbę generacji (100), przedstawione zostały populacje wybrane zgodnie z wykresem z rys. 64. Każdy punkt zaznaczony na wykresie ma podany numer generacji, przykładowo P9 oznacza 9. generację. Dodatkowo przedstawiona została wizualizacja populacji początkowej (1. generacja) oraz końcowej (100. generacja).

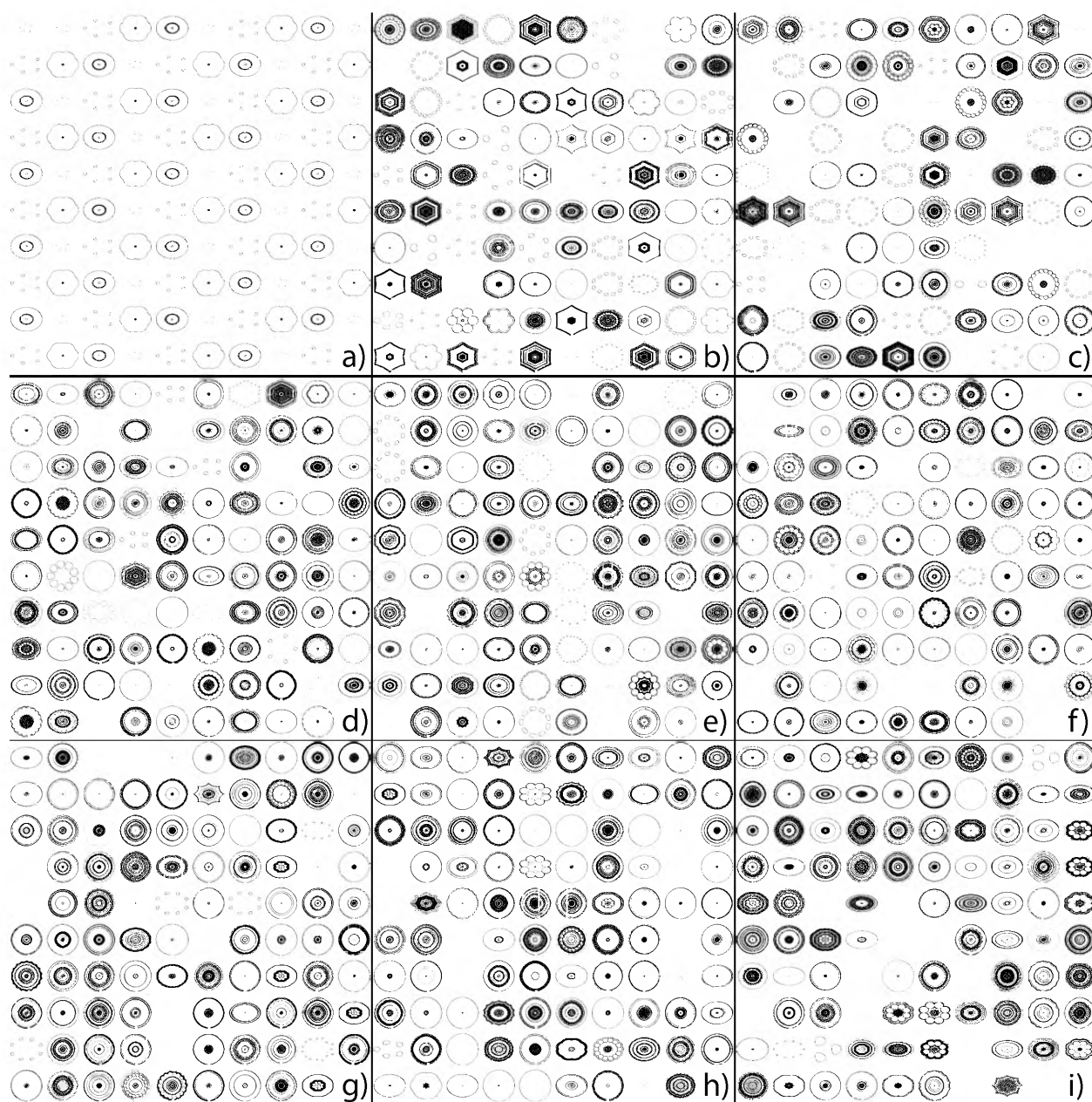
Patrząc na wizualizacje 100 osobników (rys. 65 i 66) dla każdej generacji trudno jest określić, czy dana populacja została wyżej lub niżej oceniona od pozostałych (za wyjątkiem pierwszej generacji z rys. 65). W każdej populacji znajdują się osobniki bardzo nisko ocenione (mniej złożone wizualnie), ale można odnaleźć również osobniki dobrze przystosowane. Przykładowo generacja 15. posiadała 16 osobników o ocenach z przedziału 0,1 – 0,29. Najniżej oceniony osobnik populacji początkowej posiadał ocenę 0,32, ale średnia arytmetyczna ocena 15. generacji jest większa niż populacji początkowej.



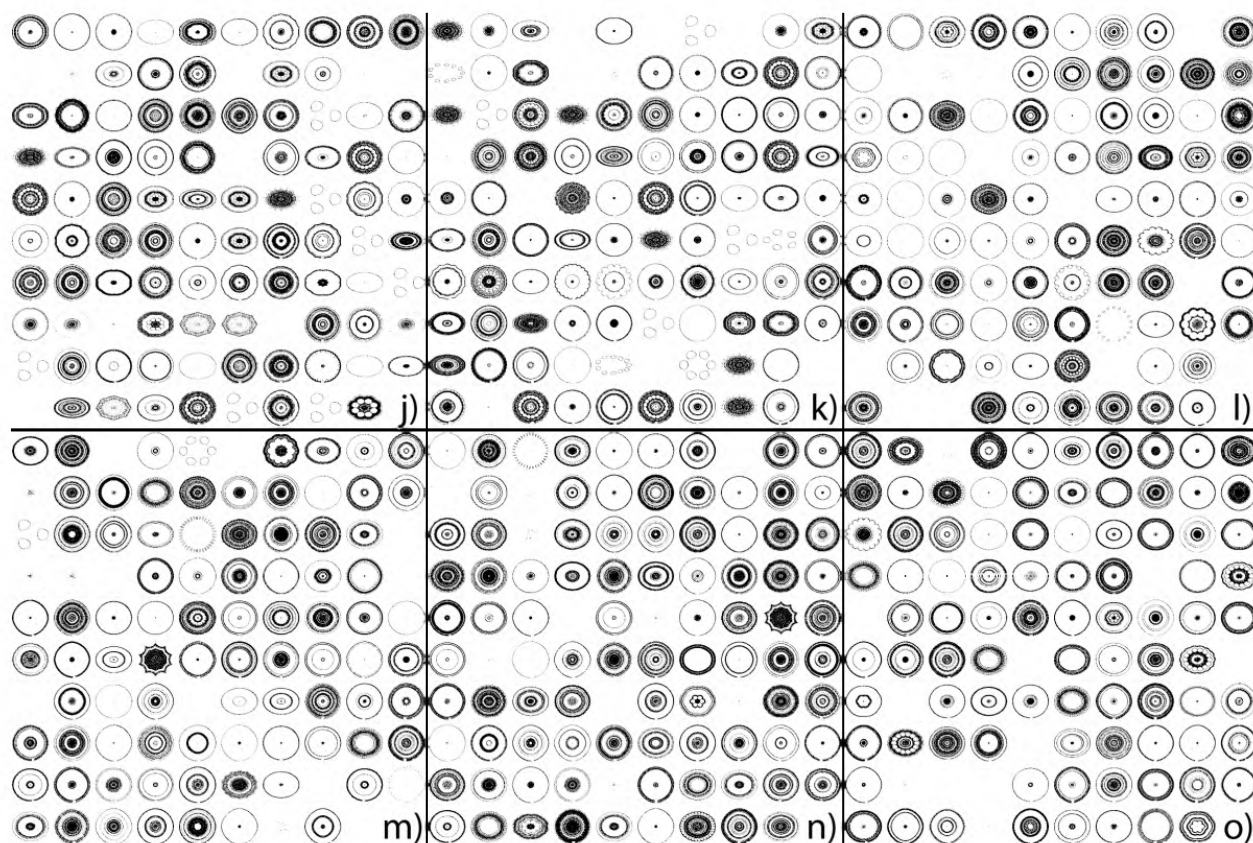
Rysunek 64. Przebieg pojedynczej populacji. Na wykresie zaznaczone zostały wybrane najwyższe i najniższe wartości oceny osobników wraz z numerem populacji, w której wystąpiły.

Podczas przejścia algorytmu można skompletować pokaźny zbiór różnorodnych osobników, które nie zawsze pojawiają się w populacji końcowej. Jest to związane z warunkiem zatrzymania, który jest oparty na liczbie generacji, a nie na wyniku oceny populacji.

W celu dokładniejszej obserwacji rozwoju populacji na rys. 67 zostały przedstawione wizualizacje 9 pierwszych generacji z pominięciem populacji początkowej. Można wyraźnie zauważyć duży wzrost liczby osobników o złożonych kształtach, co przekłada się na wysokie oceny i eliminację osobników źle przystosowanych.

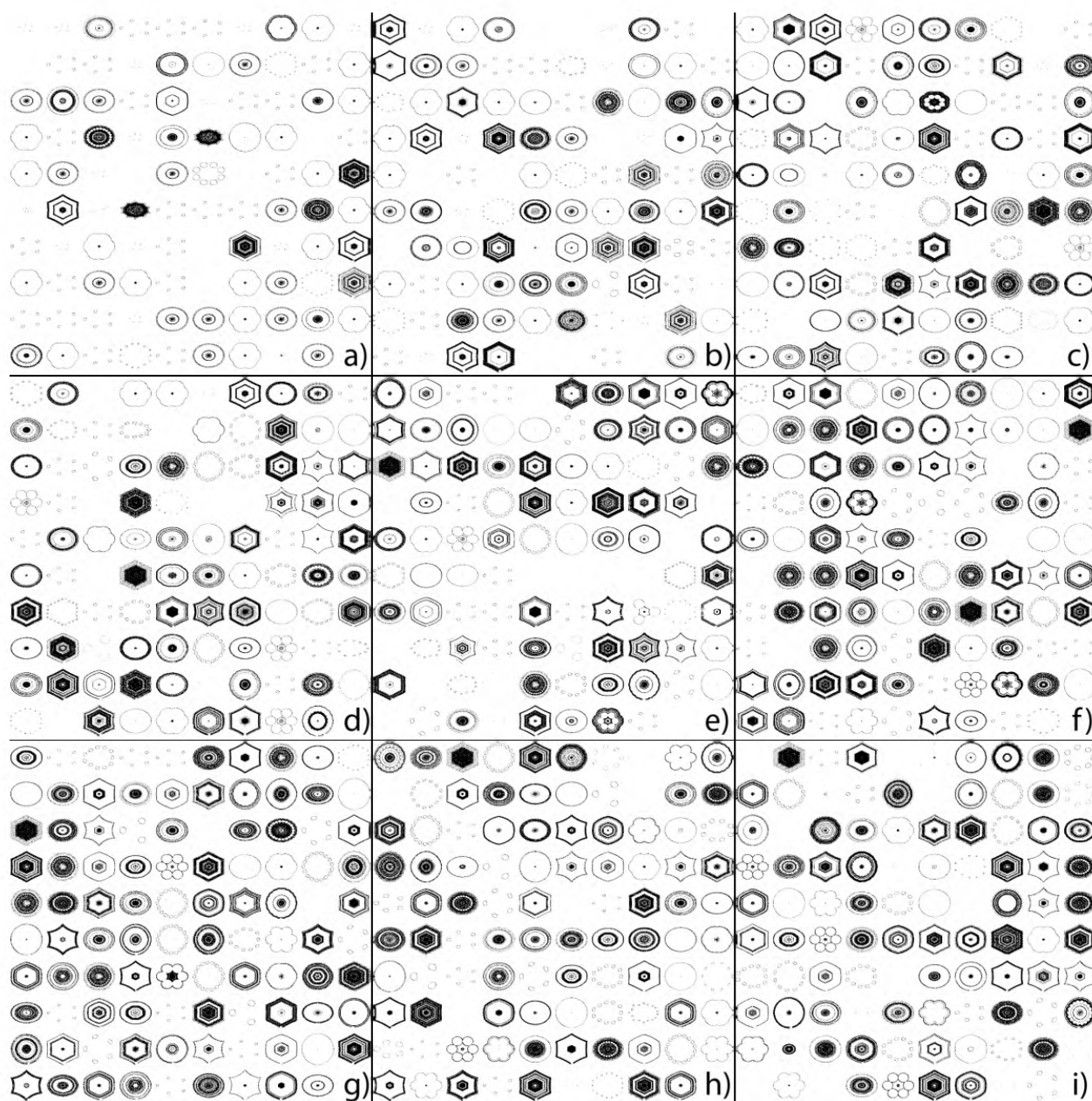


Rysunek 65. Wyszczególnione populacje:  
a) 1; b) 9; c) 15; d) 23; e) 30; f) 42; g) 51; h) 58; i) 70.



Rysunek 66. Wyszczególnione populacje:  
j) 72; k) 75; l) 86; m) 88; n) 90; o) 100.





Rysunek 67. Wizualizacja pierwszych 9 generacji z pominięciem pierwszej.  
a) 2; b) 3; c) 4; d) 5; e) 6; f) 7; g) 8; h) 9; i) 10.

## 5.6. Badanie wpływu algorytmu genetycznego na różne rodzaje osobników

W większości wcześniejszych eksperymentów główny nacisk położony był na wyniki liczbowe, a zwłaszcza oceny osobników, bez analizowania ich struktury wizualnej. Etapy te były bardzo istotne w celu dostrojenia algorytmu genetycznego do specyficznego problemu. Z tego powodu wszelkie wizualizacje zostały pominięte. Możliwy subiektywny odbiór wizualizacji mógłby sugerować wnioski sprzeczne z przedstawionymi na wykresach.

W niniejszym rozdziale najistotniejszą częścią stają się wizualizacje osobników, a nie same wykresy. Przebadane zostały 32 typy systemów dynamicznych, z których wybrano 10 prezentujących najbardziej zróżnicowane, wysoko ocenione struktury. Pośród nich poza różnymi odmianami przekształceń Gumowskiego-Miry znalazły się również przekształcenia Hopalong oraz QuadrupTwo. Doświadczenie dotyczyło również fraktali IFS.

Zbiór parametrów i współczynników pozwalających wygenerować osobniki przedstawione w niniejszym rozdziale został umieszczony w dodatkach na płycie dołączonej do pracy.

### 5.6.1. Badanie przekształcenia Hopalong

Dwa pierwsze doświadczenia dotyczą przekształceń Hopalong i QuadrupTwo, dla których wykres średniej oceny populacji oraz średniej oceny najlepszego osobnika nie prezentuje większej zmiany podczas trwania całego eksperymentu. Wcześniej prezentowane wyniki bez wizualizacji nie niosłyby ze sobą istotnych informacji.

Pierwsze badanie polega na automatycznej modyfikacji przekształcenia Hopalong Barry'ego Martina (29), (30):

$$x_{n+1} = y_n - f(x_n) \cdot \sqrt{|bx_n - c|}, \quad (29)$$

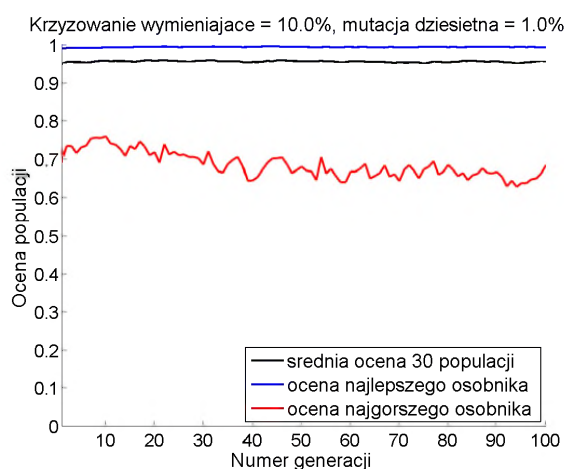
gdzie  $(x_n, y_n)$  to współrzędne punktu,  $b$  i  $c$  to parametry modyfikowane przez algorytm genetyczny,  $f(x_n)$  przyjmuje wartości:

$$f(x_n) = \begin{cases} -1, & \text{jeśli } x_n < 0 \\ 0, & \text{jeśli } x_n = 0 \\ 1, & \text{jeśli } x_n > 0 \end{cases} \quad (30)$$

Parametrem modyfikowanym przez algorytm genetyczny jest również punkt początkowy  $(x_0, y_0)$ , który ma wpływ na strukturę osobnika.

Liczba iteracji generujących pojedynczego osobnika w tym badaniu wynosiła 40 000 punktów. Wizualizacja na potrzeby pracy przeprowadzona została z użyciem 100 000 punktów dla lepszego przedstawienia wzoru.

Ze względu na niezauważalny wzrost średniej arytmetycznej oceny dla populacji oraz oceny najwyższego osobnika, wykres z rys. 68 został przeskalowany i przedstawiony na rys. 69. Dzięki temu zabiegowi można zauważyć niewielkie wahania ocen.

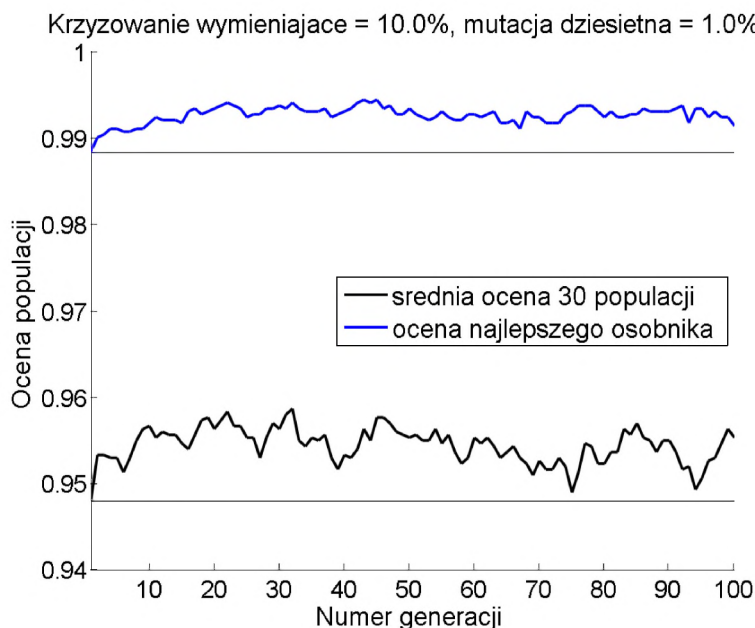


Rysunek 68. Badanie generacji złożonej z osobników stworzonych w oparciu o przekształcenia Hopalong.

Populacja początkowa składała się z 4 nisko ocenionych osobników, powtarzających się do momentu osiągnięcia liczby 100 osobników (rys. 70). Pierwszy oraz ostatni z wybranych osobników są złożone z punktów w odstępach uniemożliwiających wyraźne przedstawienie ich wizualizacji. Z tego powodu wszystkie osobniki początkowe są przedstawione w kwadratowym obramowaniu.

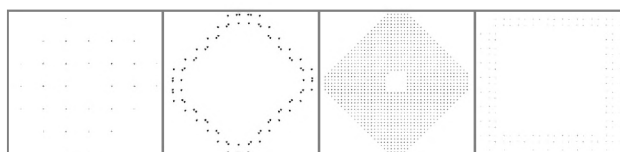
Zwiększanie rozmiarów punktów tworzących mogłoby niekorzystnie wpływać na właściwą ocenę cech wszystkich osobników. Dopasowanie ich wielkości względem struktury wizualnej osobnika mogłoby przyczyniać się do faworyzacji struktur ze względu na wielkość, a nie rozmieszczenie punktów.





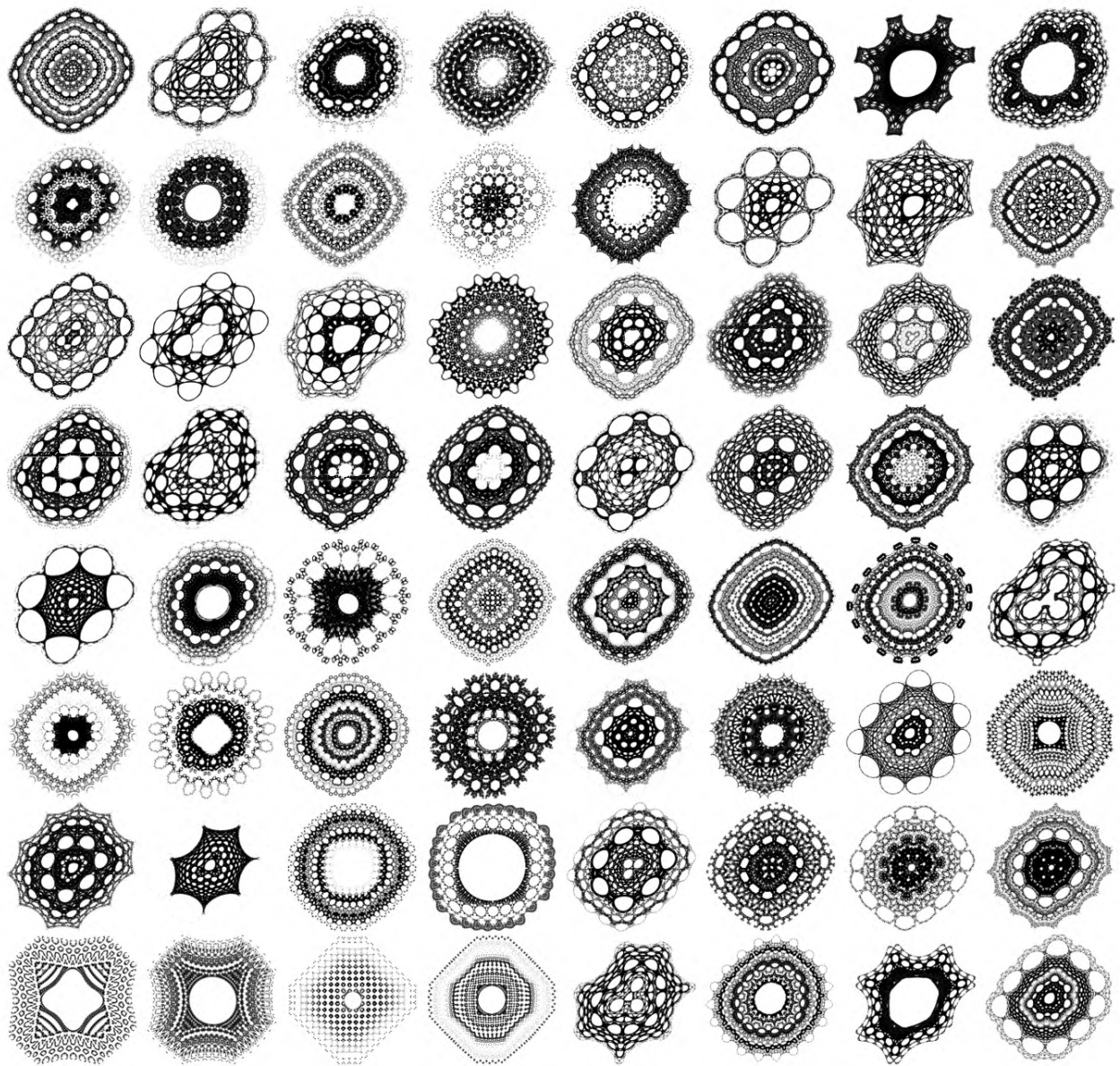
Rysunek 69. Przeskalowany wykres badania przekształcenia Hopalong. Szara linia pokazuje poziom oceny początkowej generacji.

Jak zostało wcześniej zasygnalizowane, wykres nie prezentuje dużych zmian w rozwoju populacji. Aktywność algorytmu można jednak zaobserwować na osobnikach końcowych. Ze względu na dużą liczbę wygenerowanych osobników (30 uruchomień algorytmu, 100 osobników dla każdej populacji), na rys. 71 zostały wybrane te najbardziej zróżnicowane.



Rysunek 70. Osobniki Hopalong populacji początkowej.

Jak łatwo zauważyć, mimo praktycznie niezauważalnych zmian na wykresie przebiegu doświadczenia, różnica wizualna między osobnikami początkowymi i końcowymi jest bardzo duża.



Rysunek 71. Wybrane osobniki przekształcenia Hopalong.

### 5.6.2. Badanie przekształcenia QuadрупTwo

Kolejne badanie dotyczy przekształcenia QuadрупTwo.

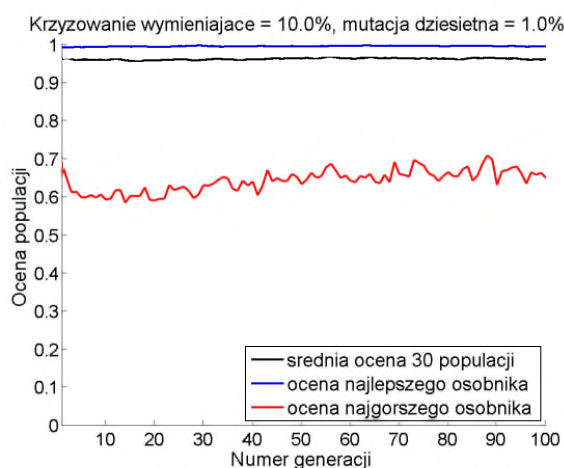
Atraktory QuadрупTwo Michaela Petersa tworzy się zgodnie ze wzorem:

$$x_{n+1} = y_n - f(x_n) \cdot \sin(\ln|bx_n - c| \cdot \arctg(cx_n - b)^2), \quad (31)$$

gdzie  $(x_n, y_n)$  to współrzędne punktu,  $b$  i  $c$  to parametry modyfikowane przez algorytm genetyczny,  $f(x_n)$  przyjmuje wartości jak w przekształceniu Hopalong (30). Podobnie jak w poprzednim eksperymencie parametrem modyfikowanym przez algorytm genetyczny jest także punkt początkowy  $(x_0, y_0)$ .

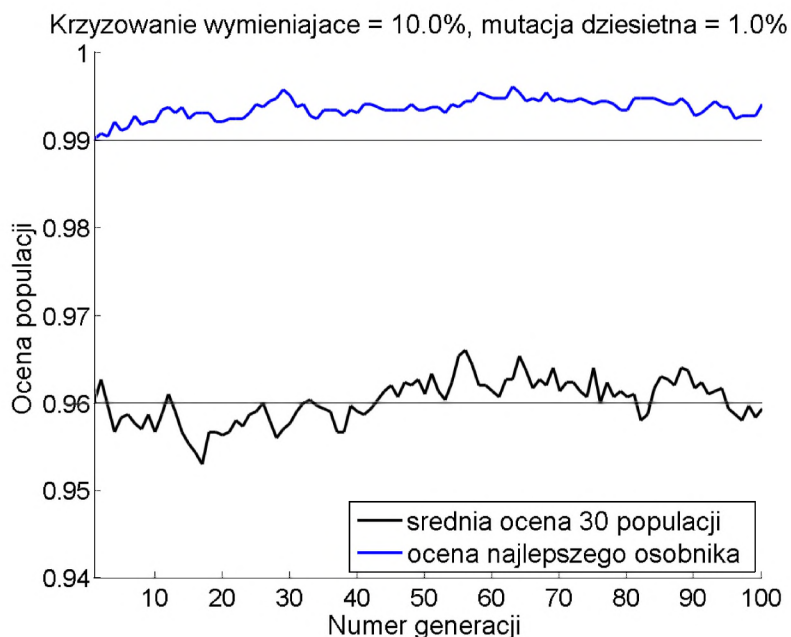
Liczba iteracji dla wizualizacji została zmniejszona do 40 000 punktów, ponieważ jest to wystarczająca liczba, aby obrazy wzorów były wyraźne. Od tego doświadczenia liczba punktów wykorzystywanych do wizualizacji będzie miała tę samą wartość we wszystkich kolejnych badaniach.

Wykres przedstawiony na rys. 72, nie wykazuje różnorodności większej niż w poprzednim badaniu.



Rysunek 72. Badanie przekształcenia QuadрупTwo.

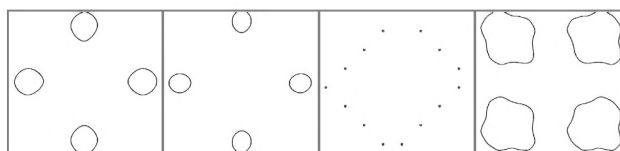
Podobnie jak w przypadku przekształcenia Hopalong dla lepszej obserwacji wykres z rys. 72 został przeskalowany (rys. 73).



Rysunek 73. Przeskalowany wykres badania przekształcenia QuadрупTwo. Szara linia pokazuje poziom oceny początkowej generacji.

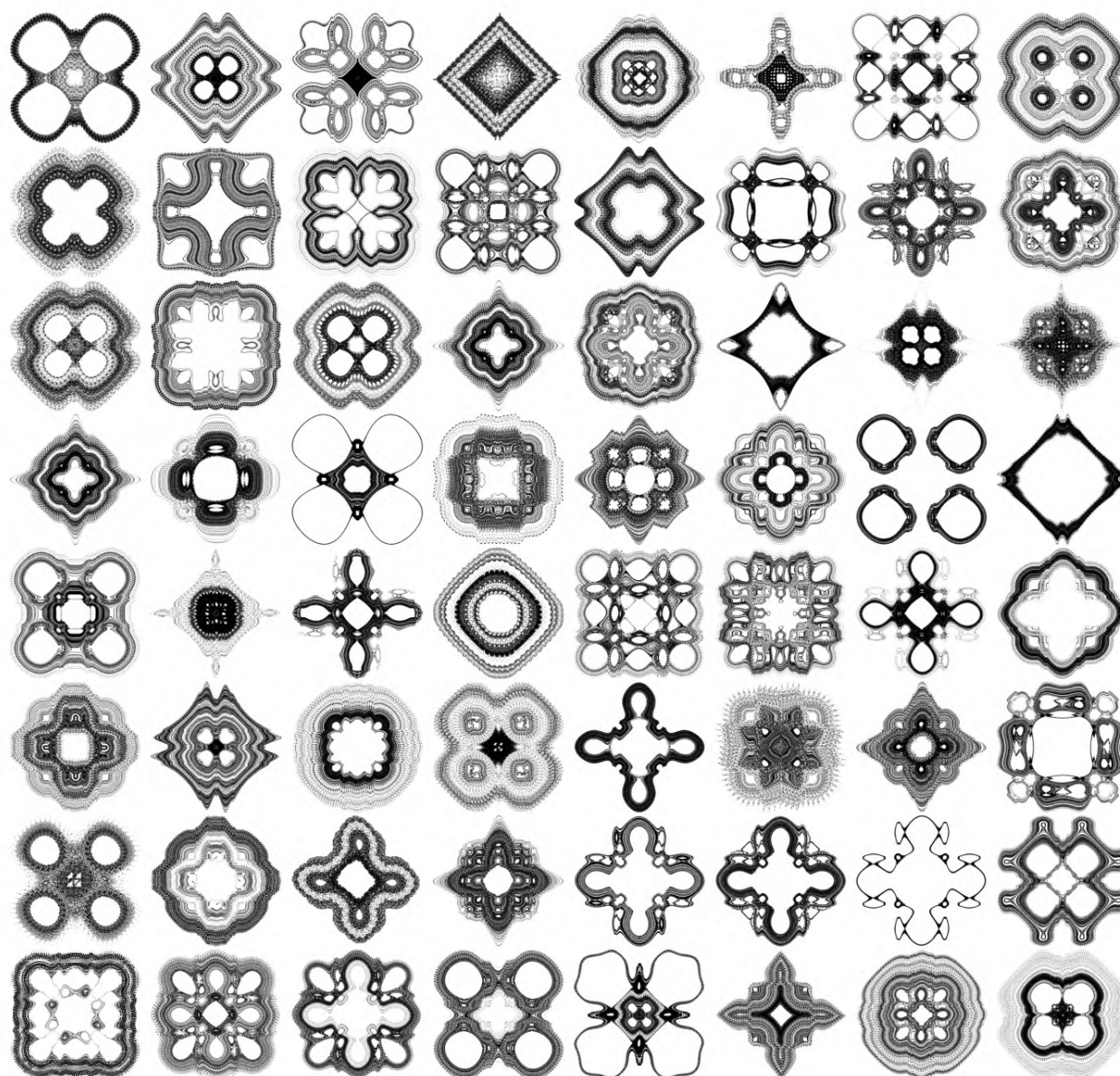
Powodem większych wahań i spadku średniej oceny populacji względem oceny najlepszego osobnika (rys. 73) może być poszukiwanie innych rejonów przestrzeni rozwiązań, co skutkuje stworzeniem lepiej i gorzej ocenionych osobników. Wpływa to bezpośrednio na średnią arytmetyczną ocenę całej populacji, ale nie ma większego wpływu na ocenę najlepszego osobnika populacji.

Populacja początkowa, podobnie jak wcześniej, składała się z 4 nisko ocenionych osobników powtarzających się cyklicznie do osiągnięcia liczby 100 osobników (rys. 74).

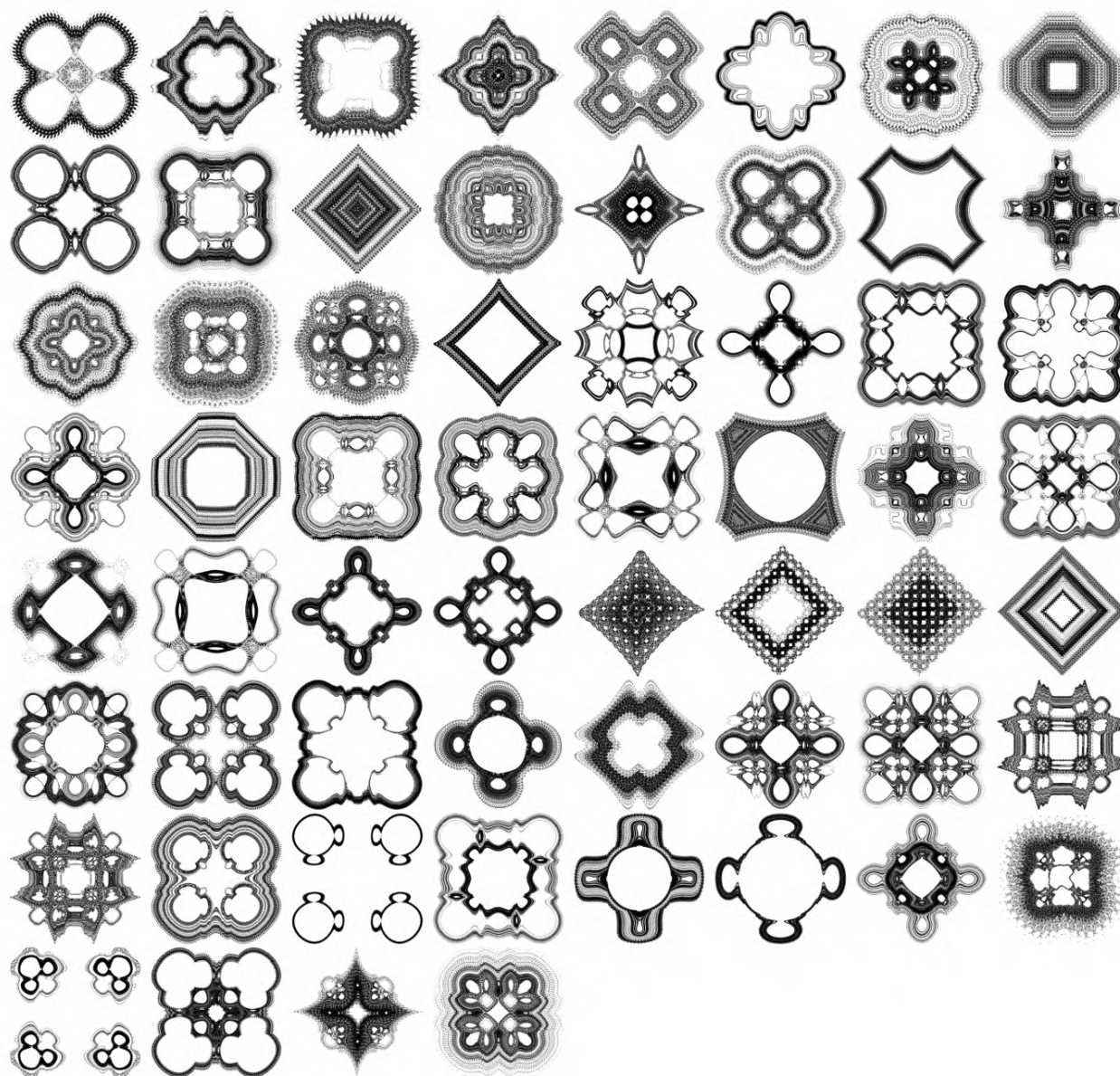


Rysunek 74. Osobniki tworzące populację początkową QuadрупTwo.

Wizualizacja na rys. 75 i 76 przedstawia osobniki populacji końcowej. Zostały one wybrane spośród innych o równie wysokich ocenach. W przedstawionej wizualizacji zostały pominięte osobniki zbliżone do siebie pod względem wizualnym w celu przedstawienia jak największej różnorodności form powyższego przekształcenia.



Rysunek 75. Wybrane osobniki przekształcenia QuadrapTwo (część 1 z 2).



Rysunek 76. Wybrane osobniki przekształcenia QuadrapTwo (część 2 z 2).

### 5.6.3. Badanie przekształceń Gumowskiego-Miry

Kolejne doświadczenia zostały przeprowadzone na różnych odmianach przekształceń Gumowskiego-Miry. Częścią wspólną tych przekształceń jest analogiczny sposób generowania osobników zgodnie ze wzorem (32), gdzie  $f(x)$  jest zmieniana dla każdego ich rodzaju.

$$\begin{aligned} x_{n+1} &= by_n + f(x_n) \\ y_{n+1} &= f(x_n) - x_{n+1}, \end{aligned} \quad (32)$$

gdzie  $(x_n, y_n)$  to współrzędne punktu,  $b$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny, podobnie jak punkt początkowy  $(x_0, y_0)$ .



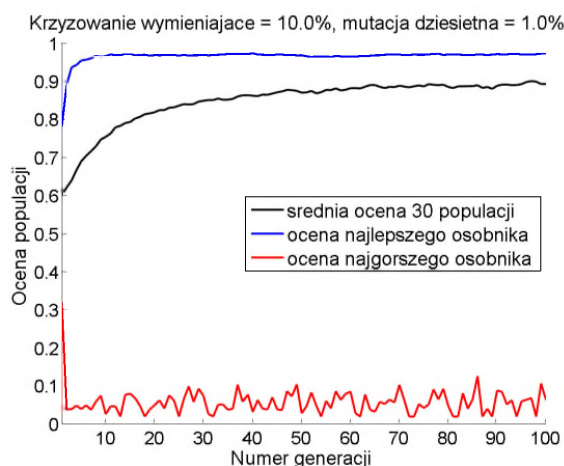
Oznaczenie numeryczne osobników będzie umowne i będzie się odnosić do kolejności badań, jakie zostały przeprowadzone na potrzeby niniejszej pracy. Dzięki numeracji ułatwione będzie również dopasowanie rysunków do konkretnych przekształceń znajdujących się na płycie dołączonej do pracy. Na płycie znajdują się wyniki badań dla wszystkich 29 odmian przekształceń Gumowskiego-Miry, które ze względu na dużą ich liczbę nie mogły znaleźć się w niniejszej pracy.

Osobniki o numerze porządkowym 6 poniższego doświadczenia zostały wygenerowane w oparciu o wzór (32) i (33):

$$f(x_n) = ax_n - \frac{x_n}{a + x_n} + \arctg(ax_n), \quad (33)$$

gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

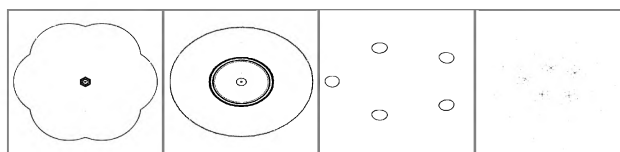
W odróżnieniu od poprzednich dwóch przekształceń, na wykresach przebiegu badania dla tej odmiany Gumowskiego-Miry widać znaczący wzrost średniej oceny osobników i znacznie niższy poziom średniej arytmetycznej oceny dla najniżej ocenionych osobników (rys. 77).



Rysunek 77. Badanie przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 6).

Badanie rozpoczynało się od populacji niżej ocenionej w porównaniu do poprzednich badań (Hopalong i QuadrapTwo).

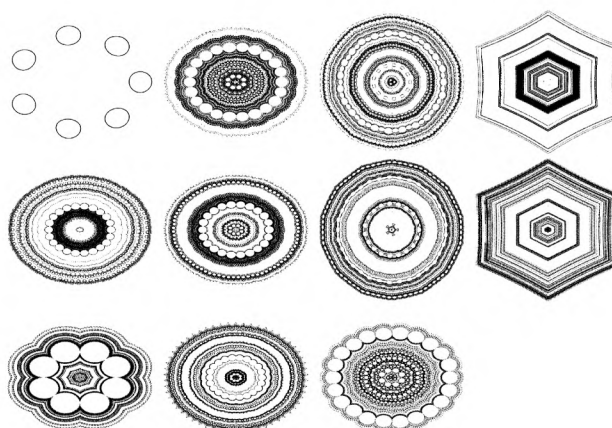
Populacja początkowa składała się z powielonych osobników przedstawionych na rys. 78.



Rysunek 78. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (nr 6).

Wizualizacja pierwszego osobnika jest utrudniona ze względu na jego strukturę. Tworzy go 5 skupisk punktów i pojedyncze punkty występujące w różnych odstępach od jego środka.

Ze względu na różną naturę osobników, zależną od wzorów, część przekształceń posiada mniejszą różnorodność od innych. Z tego powodu w tym przekształceniu zestaw wybranych osobników jest mniejszy (rys. 79). Przeprowadzenie większej liczby badań prawdopodobnie pozwoliłoby poszerzyć różnorodność osobników, ponieważ każde z 30 powtórzeń wykonanych na potrzeby pracy wykazywało niewielką odmienność.



Rysunek 79. Wybrane osobniki przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 6).

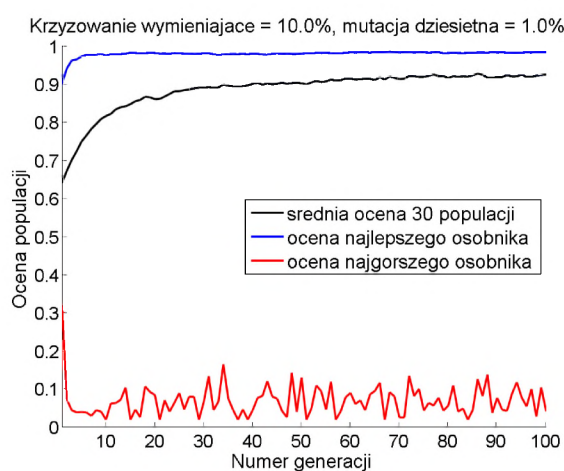
Kolejne badanie odmiany osobników Gumowskiego-Miry o numerze porządkowym 7 określone jest przez funkcję daną wzorem:

$$f(x_n) = ax_n + \arctg|x_n - a|, \quad (34)$$

gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

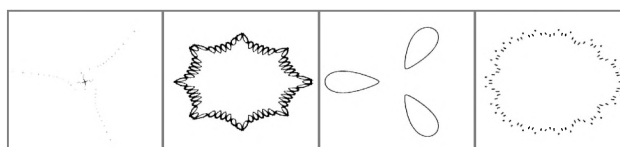


Wykres prezentujący uruchomienie algorytmu został przedstawiony na rys. 80. Populacja początkowa podobnie jak we wcześniejszych eksperymentach była nisko oceniona.



Rysunek 80. Badanie przekształcenia odmiany Gumowskiego-Miry (nr 7).

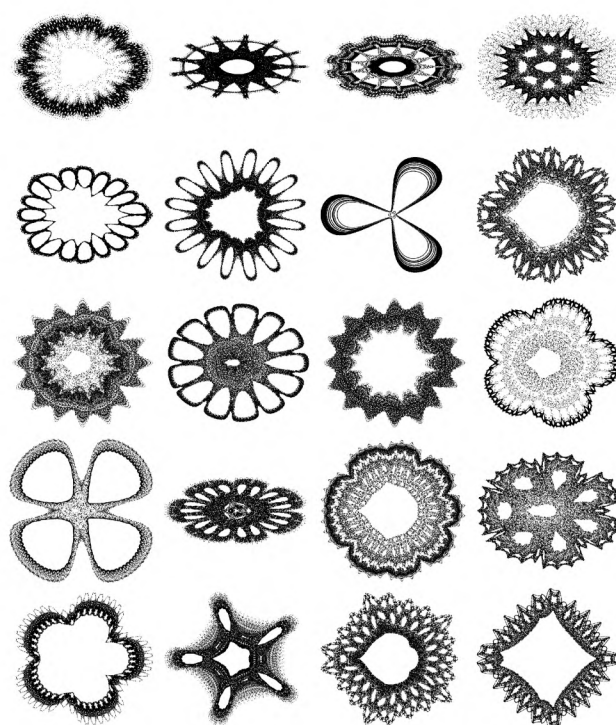
Zestaw osobników początkowych przedstawiono na rys. 81.



Rysunek 81. Osobniki tworzące populację początkową odmiany Gumowskiego-Miry (nr 7).

Ponownie wizualizacja pierwszego osobnika jest utrudniona ze względu na fakt, że jego struktura tworzy zgrupowanie punktów w okolicy jego środka i bardzo rzadkie rozmieszczenie pozostałych punktów rozchodzących się w trzech kierunkach względem gęstego skupiska.

Wybrane najbardziej różnorodne osobniki przedstawiono na rys. 82.



Rysunek 82. Wybrane osobniki odmiany przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 7).

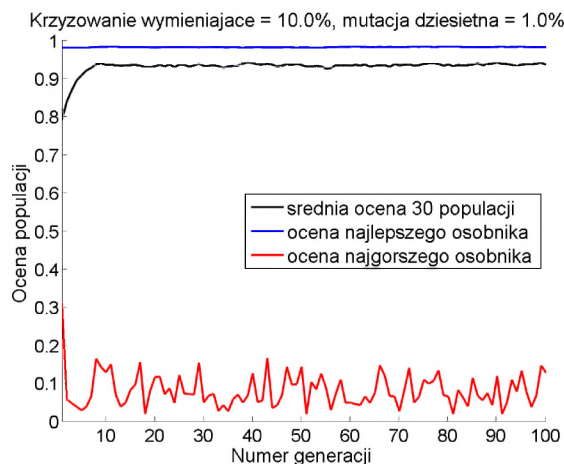
Jak można zauważyć, podobnie jak w poprzednim doświadczeniu, osobniki z populacji końcowej nie muszą przypominać strukturą osobników początkowych. Zdarzają się osobniki o podobnym kształcie, ale często są to bardziej złożone odmiany wzorów początkowych.

Następne badania opierają się o odmianę wzoru Gumowskiego-Miry (35) o numerze porządkowym 10.

$$f(x_n) = ax_n + \arctg \frac{x_n^2}{1 + ax_n + ax_n^2}, \quad (35)$$

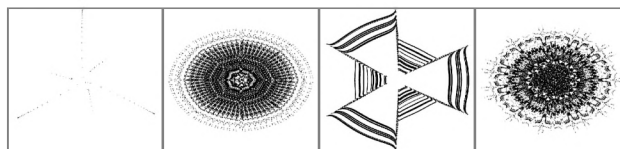
gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

Na rys. 83 przedstawiono liczbowy przebieg doświadczenia.



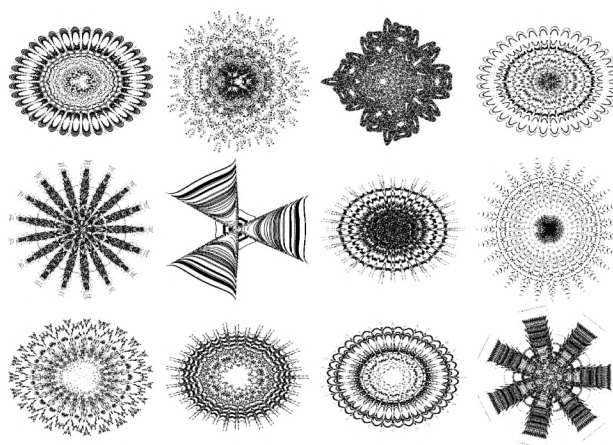
Rysunek 83. Badanie przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 10).

Populację początkową stanowiły osobniki z rys. 84. Wizualizacja pierwszego osobnika ponownie jest utrudniona, a pominięcie takiej struktury w populacji początkowej mogłoby niekorzystnie wpłynąć na kolejne generacje. Wśród wybranych osobników znalazły się również struktury o wysokiej ocenie. Stąd na wykresie linia niebieska znajduje się przez cały okres trwania eksperymentu prawie na tym samym poziomie.



Rysunek 84. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (nr 10).

Wzory wybrane spośród najlepiej ocenionych osobników zaprezentowano na rys. 85. Mimo dobrze ocenionej populacji początkowej, algorytm nie zbiega, przez co w populacji końcowej nadal występuje różnorodność.



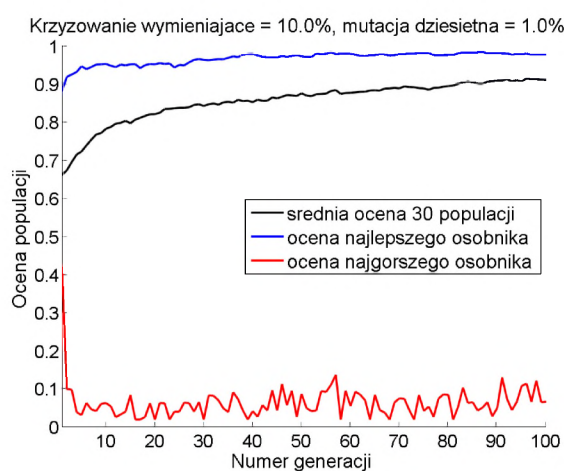
Rysunek 85. Wybrane osobniki odmiany przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 10).

Porównując osobniki końcowe z początkowymi, można zauważyć, że stosunkowo dobrze oceniona populacja początkowa, w porównaniu z innymi doświadczeniami, może w dużym stopniu narzucać końcowy wygląd części osobników.

Osobniki o numerze porządkowym 15 wygenerowane zostały w oparciu o wzór:

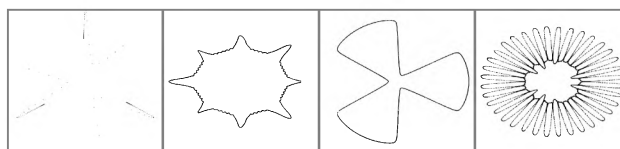
$$f(x_n) = ax_n + \arctg(a^2 - x_n^2), \quad (36)$$

gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany.



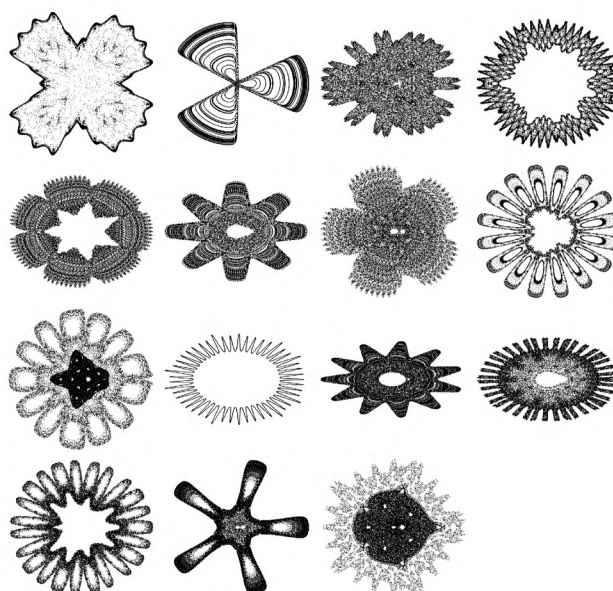
Rysunek 86. Badanie przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 15).

W porównaniu do poprzednich odmian wzorów Gumowskiego-Miry działanie algorytmu genetycznego w tym przypadku charakteryzuje się dużym wahaniami oceny najlepszych osobników (rys. 86). Podobnie w przypadku średniej oceny, wysokie wartości oceny są osiągnięte wolniej, a wartości nie stabilizują się nawet po 100 generacjach.



Rysunek 87. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (nr 15).

Populacja początkowa składała się z nisko ocenionych osobników o zróżnicowanych kształtach (rys. 87). Pierwszy z osobników przypomina strukturą pierwszego osobnika z poprzedniego badania, ale jego struktura traci wyraźny kształt w okolicach środka ciężkości jego wizualizacji.



Rysunek 88. Wybrane osobniki przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 15).

Populacja końcowa (rys. 88) mimo pewnego podobieństwa do populacji początkowej, w niektórych przypadkach posiada osobniki bardziej złożone, które rzadko stworzone są w formie wyrazistych konturów.

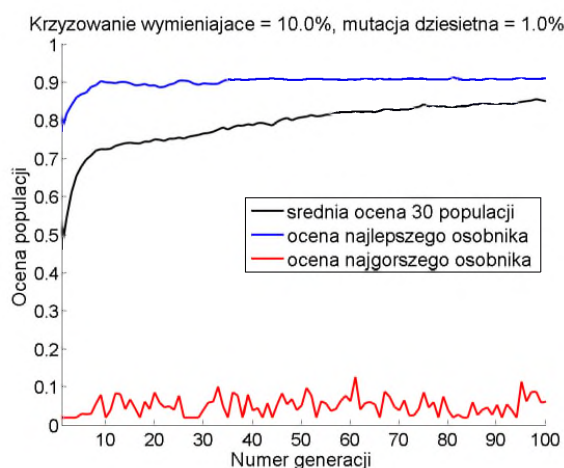
Wypełnienie osobników jest różnego typu. Zdarzają się wzory wypełnione jednolicie punktami, a także osobniki, których sposób wypełnienia nie jest jednolity i może wpływać na jego walor estetyczny. Zauważalne jest to w strukturze pierwszego osobnika z rys. 88.

Kolejne osobniki o numerze porządkowym 17 wygenerowane zostały w oparciu o wzór:

$$f(x_n) = \frac{ax_n^2}{1 + |x_n|}, \quad (37)$$

gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

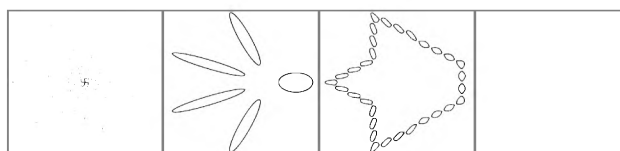
Wykres na rys. 89 przedstawia przebieg algorytmu rozpoczynający się od niższej średniej oceny niż w przypadku poprzednich wzorów.



Rysunek 89. Badanie przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 17).

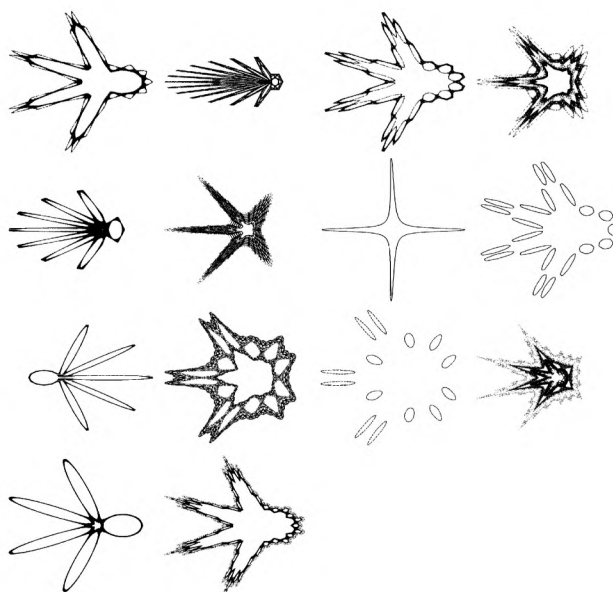
Populacja początkowa złożona była z czterech osobników (rys. 90), z których dwa reprezentują wyraźne konturowe kształty, jeden przedstawia rozsypane punkty zbiegające do

środką (został przeskalowany w oparciu o jego skrajne punkty) oraz jeden, którego wizualizacja jest złożona z tej samej wielkości punktów jak pozostałe, ale ich rozmieszczenie nie pozwala określić kształtu.



Rysunek 90. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (nr 17).

Populację końcową reprezentują osobniki przypominające bardziej złożone formy osobników początkowych (rys. 91).



Rysunek 91. Wybrane osobniki przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 17).

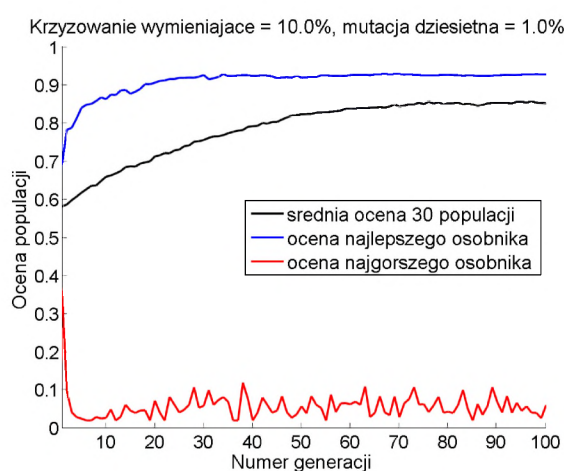
Wygląd osobników końcowych ma związek z rodzajem wzoru tworzącego, który nawet po większej liczbie uruchomień algorytmu zawsze będzie generował podobne kształty, które podobnie będą oceniane zgodnie z funkcją oceny.

Osobniki o numerze porządkowym 21 wygenerowane zostały w oparciu o wzór:

$$f(x_n) = ax_n - \arctg(a^2 - x_n), \quad (38)$$

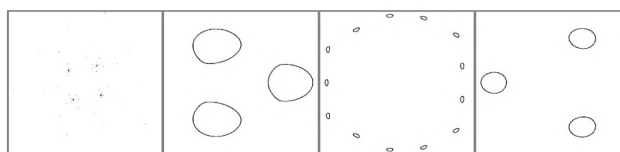
gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

Wykres przedstawiający wyniki działania algorytmu genetycznego (rys. 92) ukazuje powolny wzrost średniej oceny populacji.



Rysunek 92. Badanie przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 21).

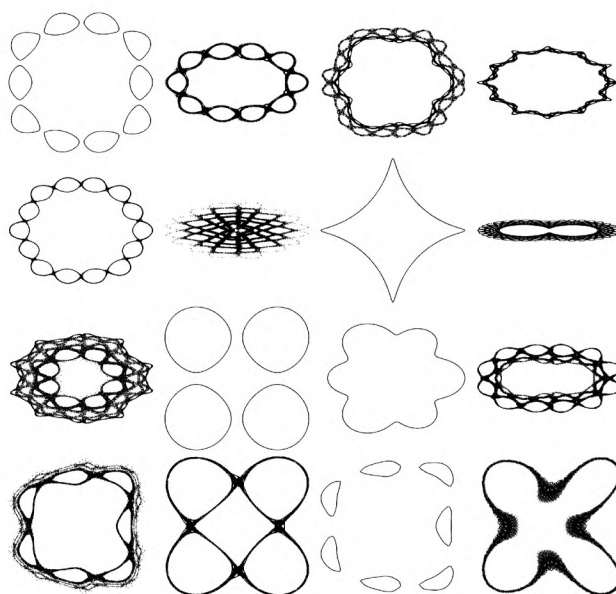
Populacja początkowa (rys. 93), za wyjątkiem pierwszego osobnika, charakteryzuje się obiektami złożonymi z różnej liczby eliptycznych kształtów.



Rysunek 93. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (nr 21).



Populacja końcowa (rys. 94) przypomina podobne struktury, jakie wystąpiły w populacji początkowej, jednakże liczebność elementów przypominających elipsy, ich ułożenie oraz ich wzajemne połączenie jest odmienne dla każdego z wybranych osobników.



Rysunek 94. Wybrane osobniki przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 21).

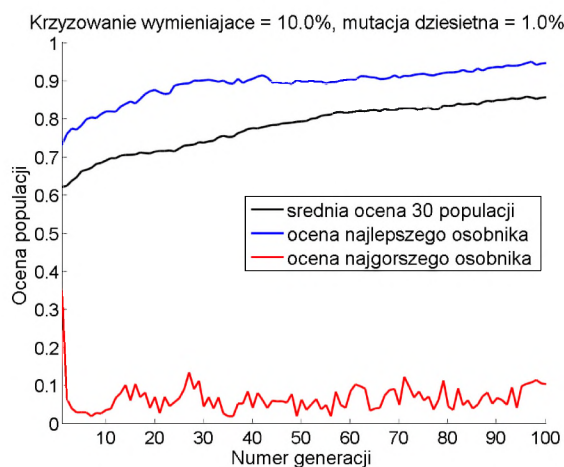
Mimo podobieństw do populacji początkowej, przy zastosowaniu opisanego wcześniej wzoru, można uzyskać większą różnorodność osobników niż w poprzednim badaniu.

Odmianę wzoru Gumowski-Mira o numerze porządkowym 29 przedstawia wzór:

$$f(x_n) = ax_n - \frac{1 - 2ax_n + a^2 \cdot x_n^2}{1 + a^2 x_n + x_n^2}, \quad (39)$$

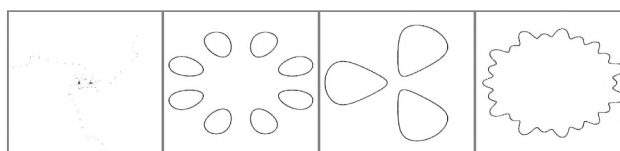
gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

Wykres (rys. 95) przedstawia powolny wzrost średniej wartości ocen populacji. Najbardziej charakterystyczną cechą badanego wzoru jest wolny wzrost średniej oceny najlepszych osobników, który nie był spotykany na poprzednich wykresach.



Rysunek 95. Badanie przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 29).

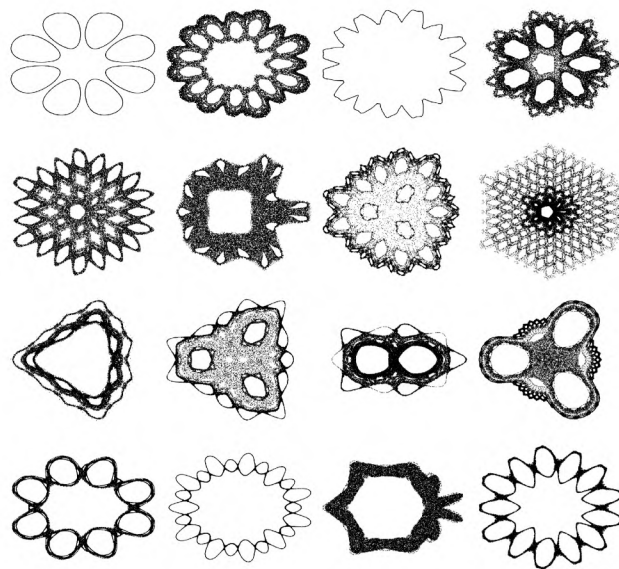
Populacja początkowa (rys. 96), za wyjątkiem podobnych wzorów jak w poprzednim eksperymencie, wzbogacona została o osobnika o regularnych, lecz trudnych do opisanie w prosty sposób, krawędziach. Podobnie jak wcześniej, w populacji początkowej występuje osobnik trudny do wyraźnej wizualizacji jego kształtu.



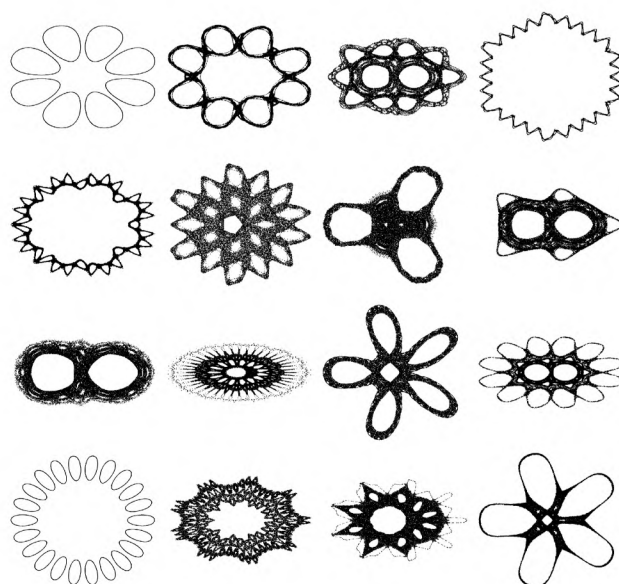
Rysunek 96. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (nr 29).

Populacja końcowa (rys. 97, 98, 99) mimo powolnego wzrostu przedstawia znacznie bardziej urozmaicone osobniki niż w poprzednim badaniu. Jedynie w niektórych przypadkach osobniki przypominają osobniki początkowe.

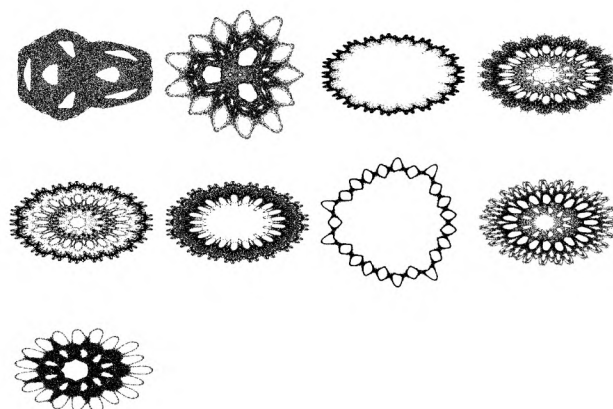
Badany wzór wygenerował większą liczbę różnych form w porównaniu do kilku poprzednich doświadczeń. Należy wziąć pod uwagę, że wybrane wzory pochodzą spośród 30 uruchomień algorytmu.



Rysunek 97. Wybrane osobniki przekształcenia  
Gumowskiego-Miry (nr 29, część 1 z 3)



Rysunek 98. Wybrane osobniki przekształcenia  
Gumowskiego-Miry (nr 29, część 2 z 3)



Rysunek 99. Wybrane osobniki przekształcenia  
Gumowskiego-Miry (nr 29, część 3 z 3)

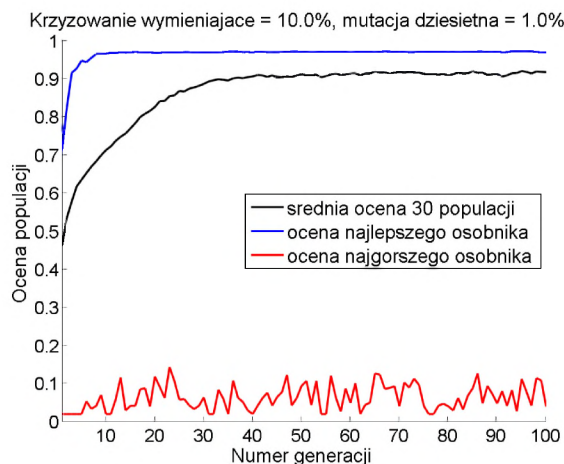
Większa liczba eksperymentów może zwielokrotnić różnorodność. Przebadanie kolejnych generacji nie tylko pod kątem ostatniej generacji również może wzbogacić zbiór wysoko ocenionych wzorów.

Osobniki o numerze porządkowym 32 zostały wygenerowane w oparciu o wzór:

$$f(x_n) = \left| \frac{ax_n - x_n^2 - a}{x_n^2 + 1} \right|, \quad (40)$$

gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

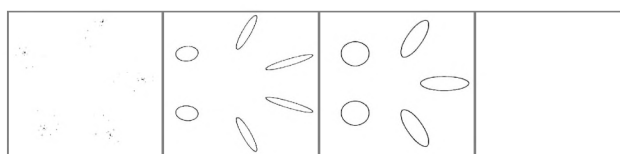
Uruchomienie algorytmu dla ostatniego z przebadanych systemów dynamicznych obrazuje wykres na rys. 100.



Rysunek 100. Badanie przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 32).

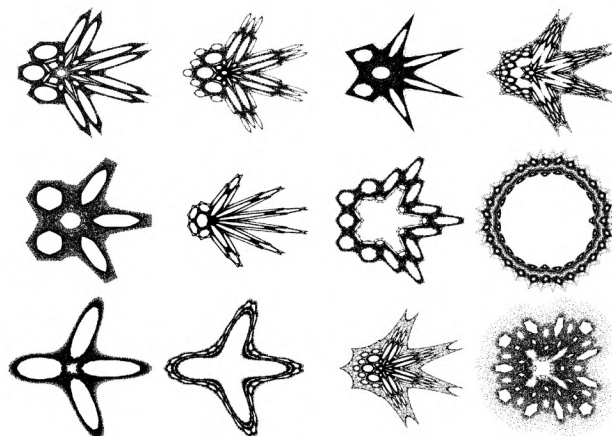
W porównaniu do poprzednich eksperymentów nie przedstawia on żadnych szczególnych cech wyróżniających.

Populacja początkowa (rys. 101) przypomina badanie systemów dynamicznych o numerze porządkowym 17. Wyraźna wizualizacja osobnika pierwszego jest utrudniona. Czytelne zobrazowanie osobnika ostatniego jest niemożliwe, został on jednak dodany do populacji początkowej, ponieważ krzyżowanie jego parametrów z innymi osobnikami może skutkować stworzeniem wysoko ocenionych osobników potomnych.

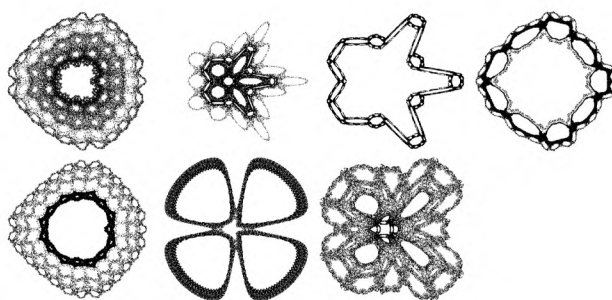


Rysunek 101. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (nr 32).

Podobieństwo populacji początkowej oraz charakterystyka wzoru miały wpływ na kształt osobników końcowych (rys. 102, 103), które w kilku przypadkach charakteryzują te same cechy, co we wspomnianym wcześniej badaniu systemów dynamicznych o numerze porządkowym 17. Kształt jest inny, jednakże struktura, którą prezentuje ten kształt, jest bardzo podobna, zwłaszcza na rys. 102.



Rysunek 102. Wybrane osobniki przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 32, część 1 z 2).



Rysunek 103. Wybrane osobniki przekształcenia Gumowskiego-Miry (nr 32, część 2 z 2).

Niniejsze badanie kończy zestawienie wizualizacji oraz przebiegu doświadczeń dla ośmiu różnych odmian systemów dynamicznych Gumowskiego-Miry.

#### 5.6.4. Badanie fraktali IFS

Budowa fraktali IFS opiera się o wzory:

$$x_{n+1} = x_n a + y_n b + e, \quad (41)$$

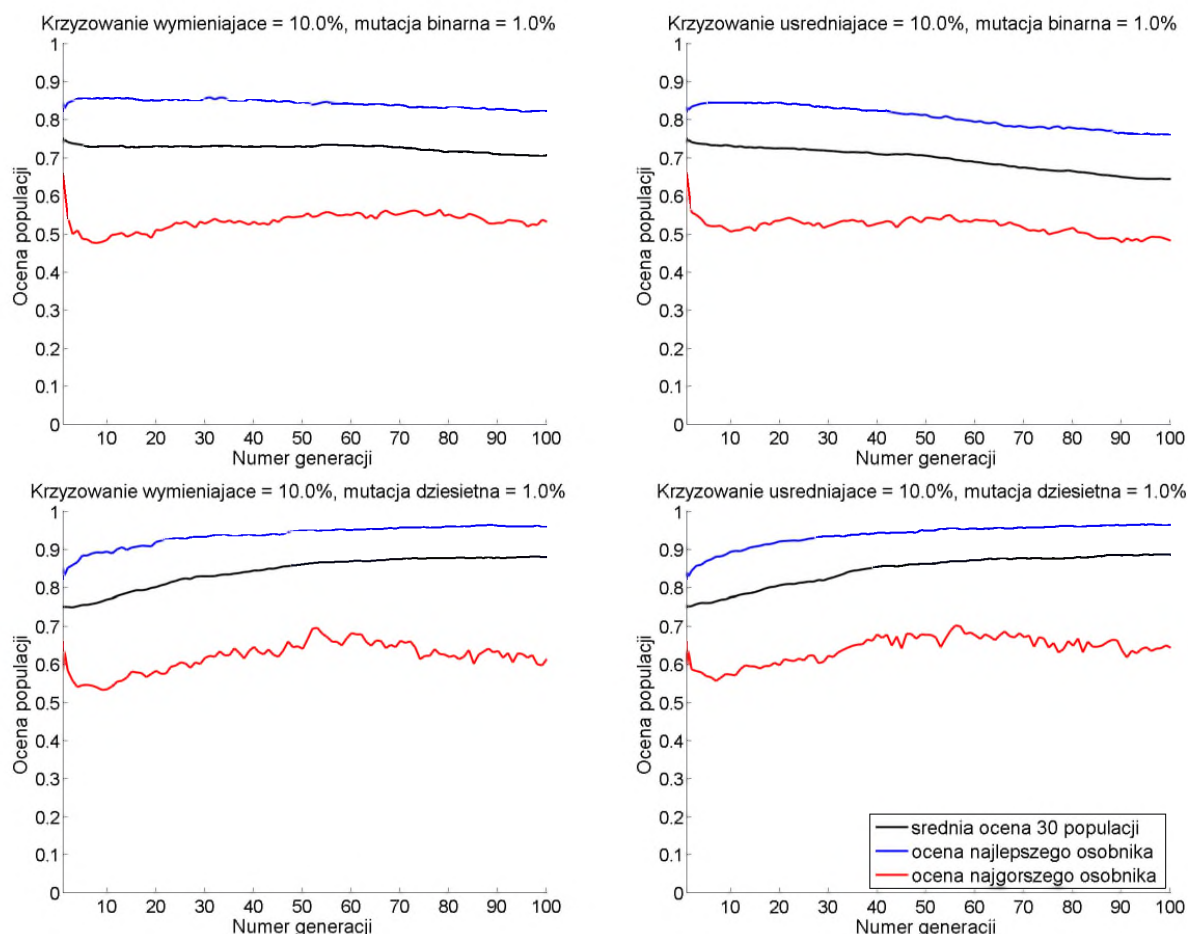
gdzie  $(x_n, y_n)$  to współrzędne punktu,  $a$ ,  $b$  i  $e$  to zmienne modyfikowane przez algorytm genetyczny.

$$y_{n+1} = x_n c + y_n d + f, \quad (42)$$

gdzie  $(x_n, y_n)$  to współrzędne punktu,  $c$ ,  $d$  i  $f$  to zmienne modyfikowane przez algorytm genetyczny. Położenie punktu początkowego  $(x_0, y_0)$  nie ma wpływu na strukturę fraktala IFS.

Badanie z zastosowaniem nisko ocenionej początkowej populacji fraktali IFS nie przyniosło zadowalających wyników. Na rys. 104 przedstawiono wykresy wszystkich 4 kombinacji mutacji i krzyżowania.

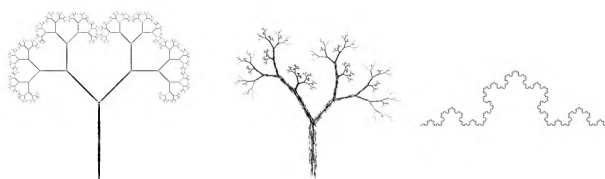
Jedynie mutacja dziesiętna, co można zaobserwować na wykresach z rys. 104, wpływa pozytywnie na rozwój populacji. Mutacja binarna prawdopodobnie wprowadza zbyt duże zmiany we współczynnikach IFS.



Rysunek 104. Badanie zastosowania fraktali IFS na nisko ocenionej populacji początkowej.

Należy zauważyć, że w przypadku systemów dynamicznych modyfikowany był punkt początkowy (2 parametry  $x_n$  oraz  $y_n$ ) oraz dodatkowe parametry  $a$ ,  $b$  i, w niektórych przypadkach,  $c$ . Daje to w sumie 5 parametrów, podczas gdy fraktale IFS posiadają co najmniej 6 współczynników. Najczęściej jednak badane fraktale posiadają przynajmniej dwa zestawy po 7 parametrów. Wyniki badań przedstawiają czasem fraktale o 7 takich zestawach, co daje w sumie 49 współczynników budujących pojedynczego osobnika. Liczba zestawów nie jest ograniczona, więc istnieje możliwość konstruowania bardziej złożonych fraktali posiadających więcej niż 49 współczynników. Trudność polega na odpowiednim dopasowaniu prawie dziesięciokrotnie większej liczby parametrów, aby uzyskać pożądany efekt.

Populacja początkowa (rys. 105) składała się z fraktali opisanych w literaturze, z których najbardziej znanym jest Krzywa Kocha [1]. Podobnie jak w przypadku poprzednich doświadczeń wzory zostały powielone do uzyskania populacji liczącej 100 osobników.



Rysunek 105. Nisko oceniona populacja początkowa fraktali IFS.

Wybrane najwyżej ocenione osobniki przedstawiono na rys. 106–109, na których kolejno zostały zgrupowane wyniki działania mutacji binarnej wraz z krzyżowaniem wymieniającym i uśredniającym oraz mutacji dziesiętnej z krzyżowaniami w tej samej kolejności.

Wyniki badań przedstawiają osobniki różniące się od początkowych, jednakże liczba osobników o interesujących kształtach jest bardzo niewielka, co przekłada się na wyniki przedstawione na wykresach z rys. 104.

W poszczególnych strategiach działania algorytmu można znaleźć różne cechy wygenerowanych osobników końcowych. Od przypominających składające się z różnie ułożonych odcinków po wzory o kłębiastej strukturze.



Obserwacje odmiany wzoru Gumowskiego-Miry o numerze porządkowym 10 wskazywały, że populacja początkowa była, w porównaniu do innych, stosunkowo wysoko oceniona, a wyniki były wciąż różnorodne. Mając ten fakt na uwadze należy przebadać działanie algorytmu na dobrze ocenionych początkowych fraktalach IFS.



Rysunek 106. Wybrane osobniki populacji końcowej fraktali IFS. Krzyżowanie wymieniające i mutacja binarna.



Rysunek 107. Wybrane osobniki populacji końcowej fraktali IFS. Krzyżowanie uśredniające i mutacja binarna.



Rysunek 108. Wybrane osobniki populacji końcowej fraktali IFS. Krzyżowanie wymieniające i mutacja dziesiętna.

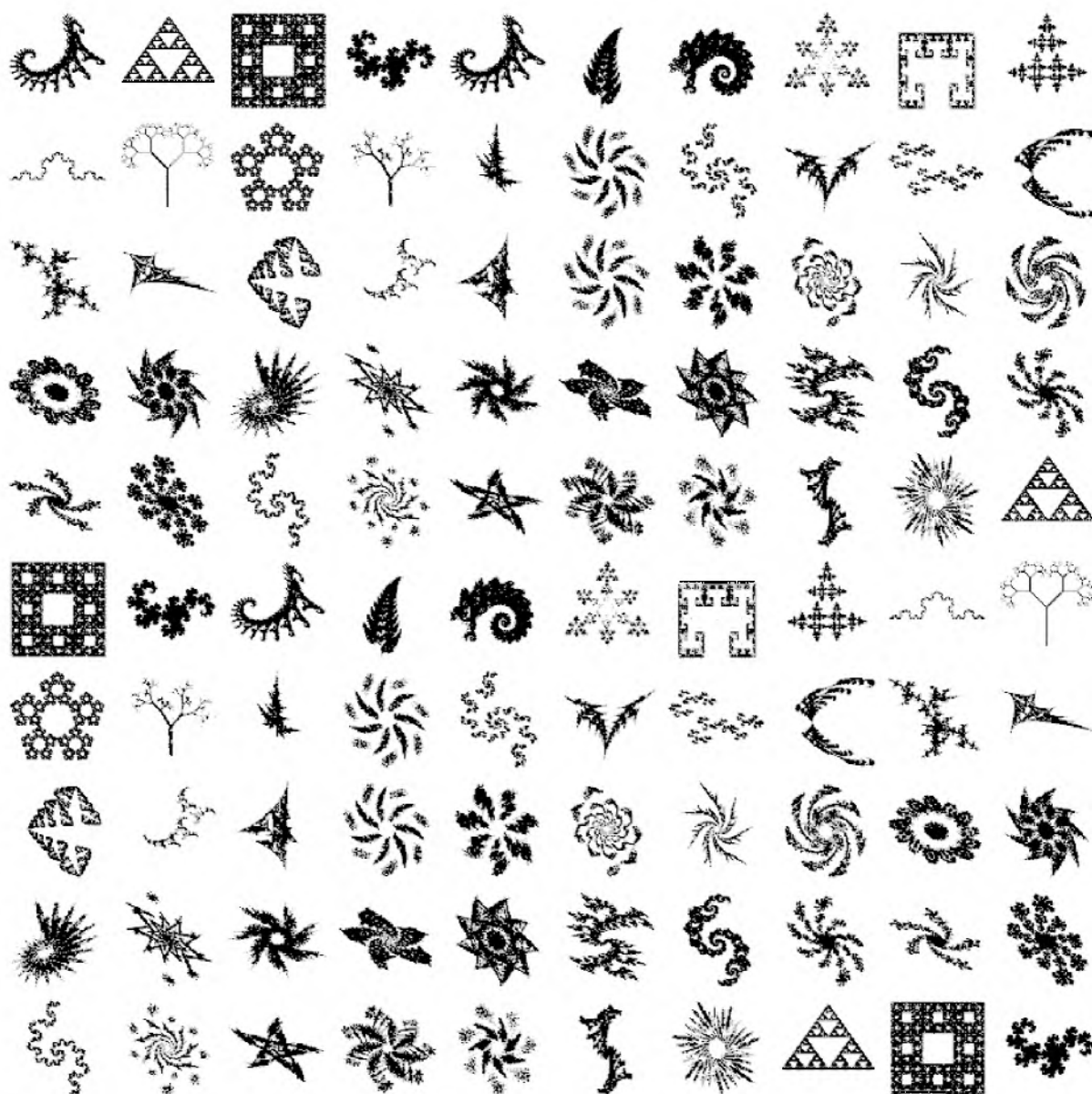


Rysunek 109. Wybrane osobniki populacji końcowej fraktali IFS. Krzyżowanie uśredniające i mutacja dziesiętna.

Istotne jest stworzenie bardzo różnorodnej populacji początkowej, aby wyniki również były różnorodne. Najlepsze rezultaty dawały operatory wykorzystane w poprzednich rozdziałach. Dodatkowo wcześniejsze badania na modyfikacjach operatorów, pozwoliły na zebranie pokaźnego zbioru fraktali wysoko ocenionych. Uzyskane w taki sposób fraktale zostały wprowadzone do wysoko ocenionej populacji początkowej.

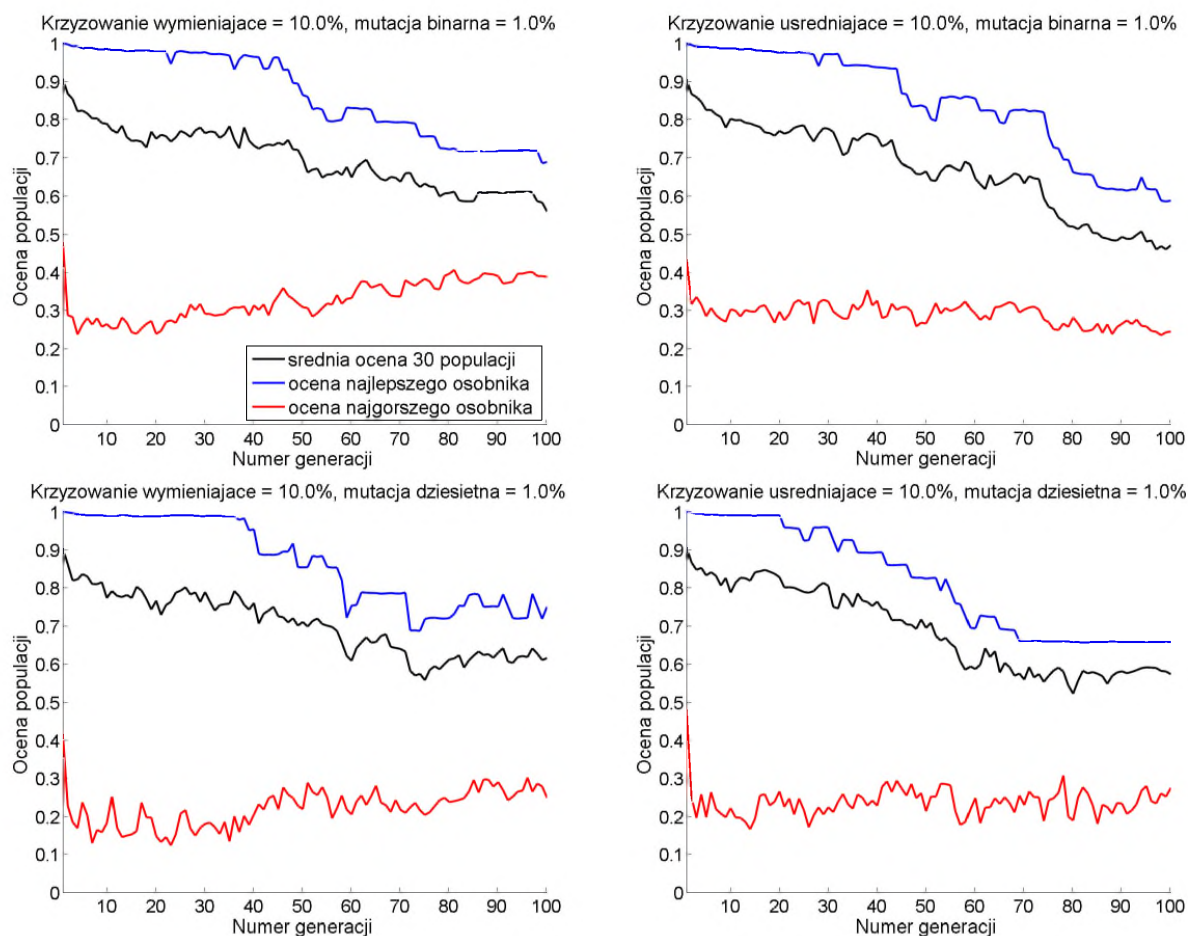
Populacja początkowa w niniejszym doświadczeniu została zbudowana z fraktali opisanych w literaturze [9, 16, 27] (14 osobników), a także z fraktali wygenerowanych w poprzedzających badanie testach (34 osobniki). Ponieważ zbiór nie dawał 100 osobników, został on powielony do uzyskania tej wartości (rys. 108).

Badanie zostało ponownie przeprowadzone z 4 kombinacjami parametrów krzyżowania oraz mutacji dla populacji początkowej przedstawionej na rys. 110. Wykresy opisujące przebieg doświadczenia (rys. 111) nie przedstawiają wyników podobnych do wcześniejszych badań.



Rysunek 110. Wysoko oceniona populacja początkowa fraktali IFS.

Średnia ocena zmniejsza się, co jest powodem pojawienia się większej liczby osobników nisko ocenionych. Ocena najlepszych osobników również maleje, ale wykazuje duże wahania, co może wpływać na zwiększenie różnorodności populacji.

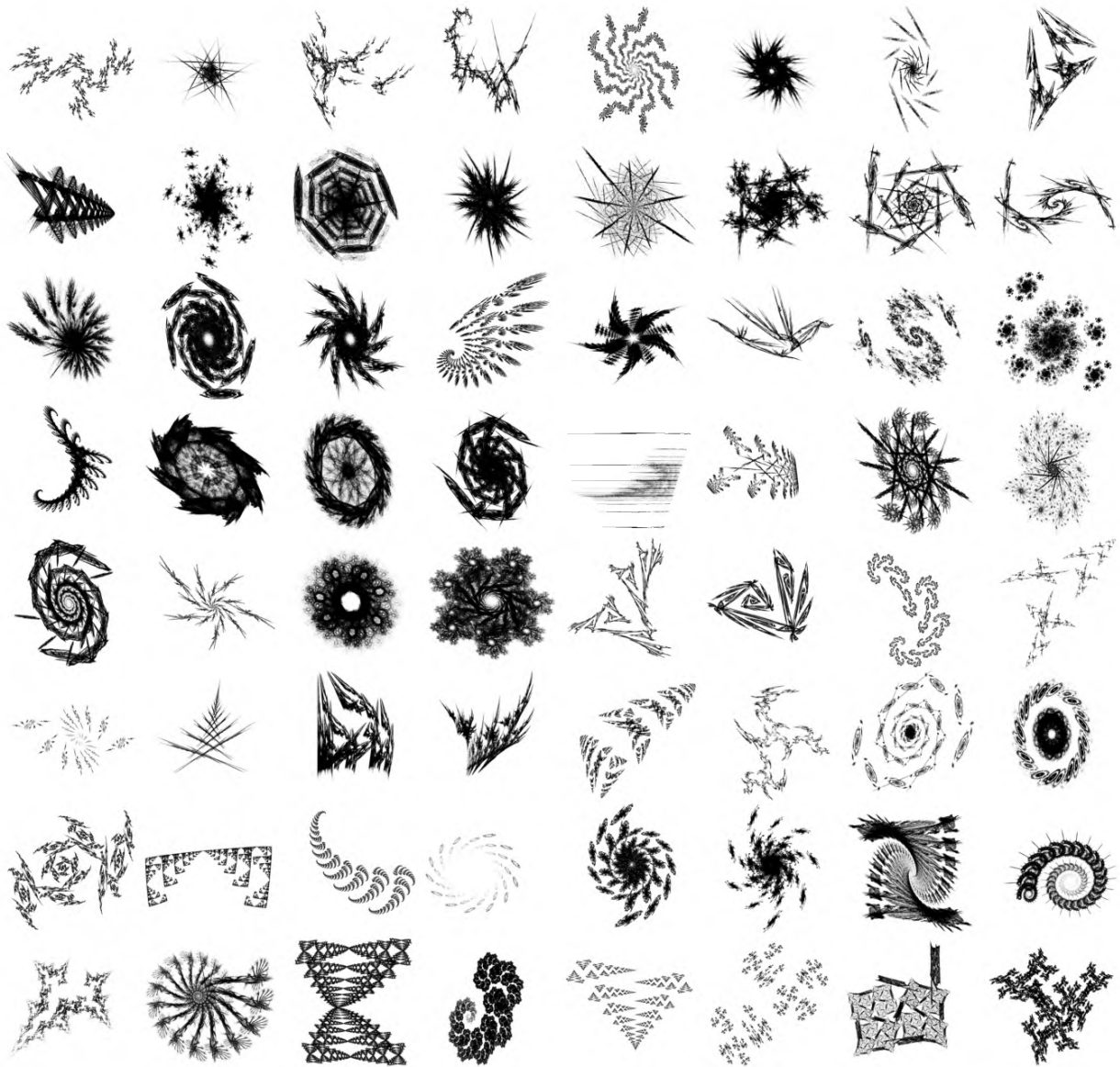


Rysunek 111. Badanie fraktali IFS na wysoko ocenionej populacji początkowej.

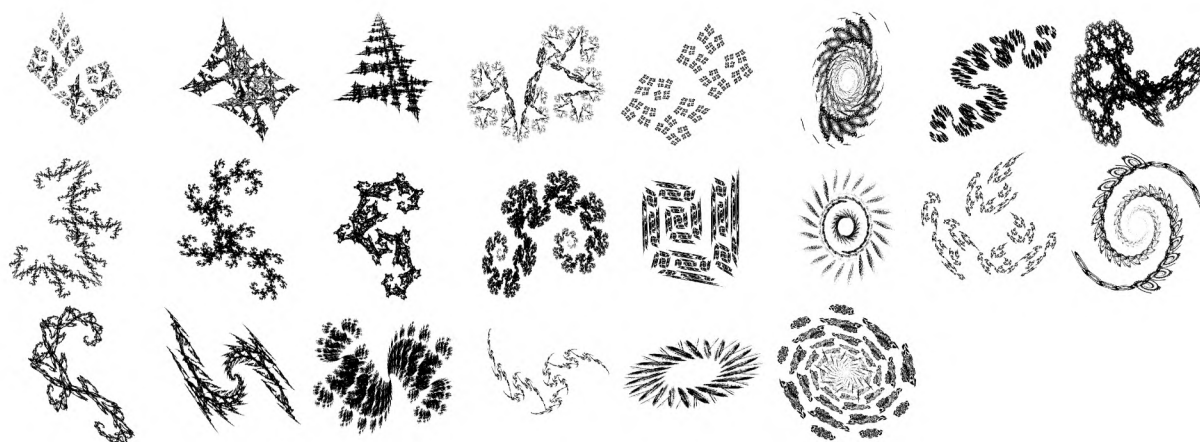
Ponieważ trudno oszacować wyniki w oparciu jedynie o wykresy, należy przeanalizować wizualizacje otrzymane w wyniku przeprowadzonego eksperymentu, które zostały przedstawione na rys. 112 i 113.

Pomimo widocznych na wykresach spadków ocen, można z populacji końcowej wybrać bardzo różnorodne i wysoko ocenione osobniki.

Najprawdopodobniej liczba osobników o różnorodnych kształtach zwiększałaby się wraz z liczbą testów. Na wyniki przedstawione powyżej składają się dwie próby, a nie jedna jak w przypadku systemów dynamicznych. Każda z prób, pomimo tych samych warunków początkowych, dawała inne rezultaty, co jest związane z dużą liczbą współczynników i naturą działania algorytmu genetycznego.



Rysunek 112. Wybrane osobniki populacji końcowej fraktali IFS (część 1 z 2).

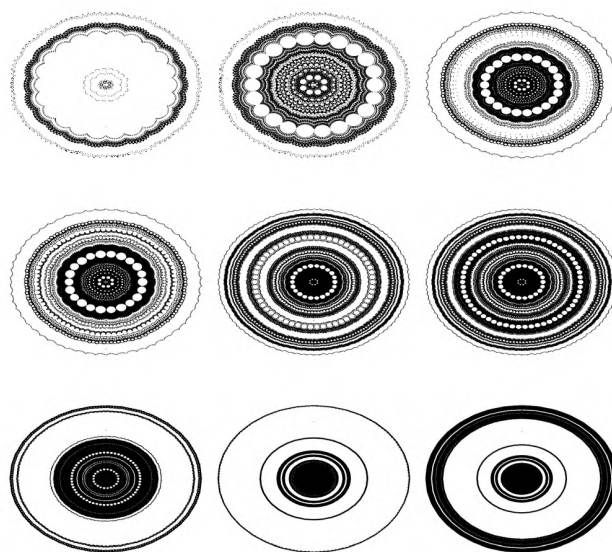


Rysunek 113. Wybrane osobniki populacji końcowej fraktali IFS (część 2 z 2).

### 5.7. Wpływ liczby iteracji na jakość wizualizacji systemów dynamicznych

Natura systemów dynamicznych jest inna niż fraktali IFS, ponieważ są to wizualizacje dwuwymiarowych orbit. Posiadają one analogiczne cechy wizualne opisujące fraktale, między innymi samopodobieństwo i są nazywane dziwnymi atraktorami [22, 75]. Ich odmienność sprawia, że wraz ze wzrostem liczby punktów tworzących, systemy dynamiczne nie zwiększają dokładności odwzorowania, ale zmieniają swój kształt.

Na rys. 114 przedstawiono tego samego osobnika, wygenerowanego tym samym wzorem i posiadającego te same parametry. Jedyną różnicą jest liczba punktów go tworząca. Każda wizualizacja została każdorazowo przeskalowana w celu osiągnięcia jednakowego rozmiaru. Można zauważyć, że wraz z liczbą iteracji osobnik zmienia swój wygląd. Dodatkowo można zauważyć samopodobieństwo w wielu elementach przy różnych iteracjach.



Rysunek 114. Wpływ iteracji na kształt osobnika Gumowskiego-Miry  
od lewego górnego rogu wierszami:  
10 000, 40 000, 60 000, 80 000, 150 000, 200 000, 300 000, 700 000, 2 000 000.

### 5.8. Badanie wpływu liczby iteracji systemów dynamicznych na kształt fenotypu

W niniejszym rozdziale przebadano jeden z rodzajów systemów dynamicznych Gumowskiego-Miry w oparciu o wzory:

$$\begin{aligned} x_{n+1} &= by_n + f(x_n) \\ y_{n+1} &= f(x_n) - x_{(n)}, \end{aligned} \quad (43)$$

gdzie  $(x_n, y_n)$  to współrzędne punktu,  $b$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

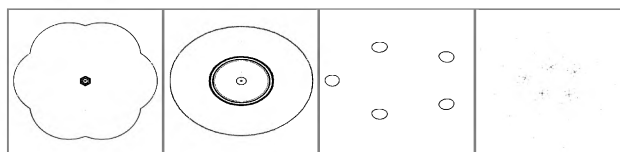
$$f(x_n) = ax_n - \frac{x_n}{a + x_n} + \arctg(ax_n), \quad (44)$$

gdzie  $x_n$  to składowa punktu o współrzędnych  $(x_n, y_n)$ ,  $a$  to parametr modyfikowany przez algorytm genetyczny.

Populacja początkowa składała się z powtarzających się 4 osobników z rys. 115.

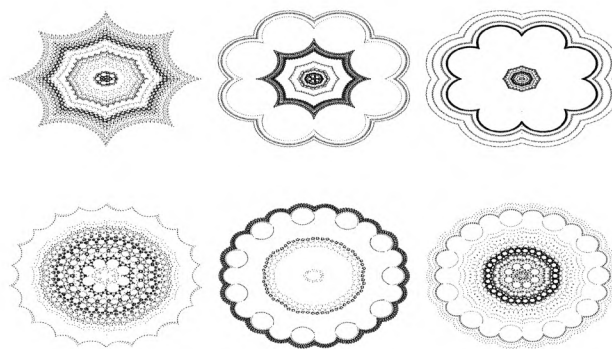
Każde badanie składało się 30 uruchomień algorytmu genetycznego, który kończył

działanie po osiągnięciu 100 generacji. W kolejnych badaniach zmieniana była jedynie liczba iteracji tworzących osobniki, pozostałe parametry nie były modyfikowane.

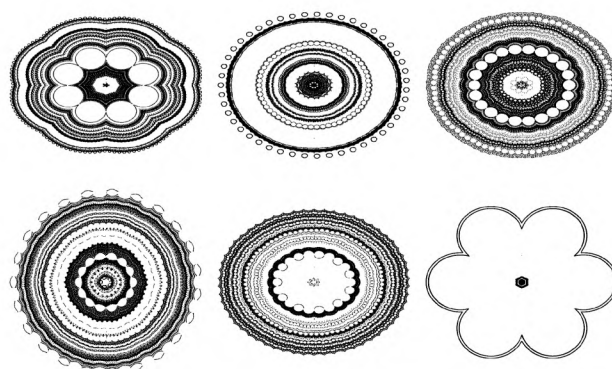


Rysunek 115. Osobniki tworzące populację początkową Gumowskiego-Miry (40 000 iteracji)

Kolejne rys. 116–123 przedstawiają wybrane osobniki populacji końcowej dla iteracji równych odpowiednio: 10 000, 60 000, 80 000, 150 000, 200 000, 300 000, 500 000 oraz 1 000 000.

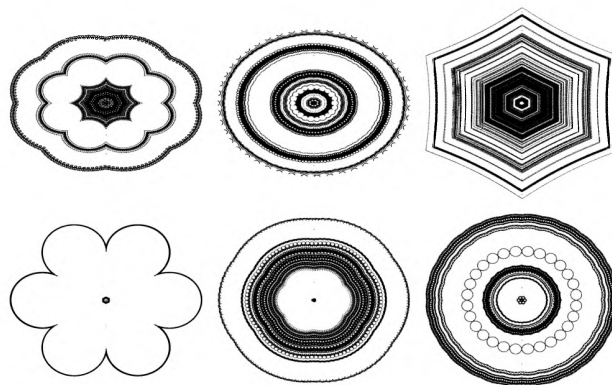


Rysunek 116. Wybrane osobniki populacji końcowej (40 000 iteracji)

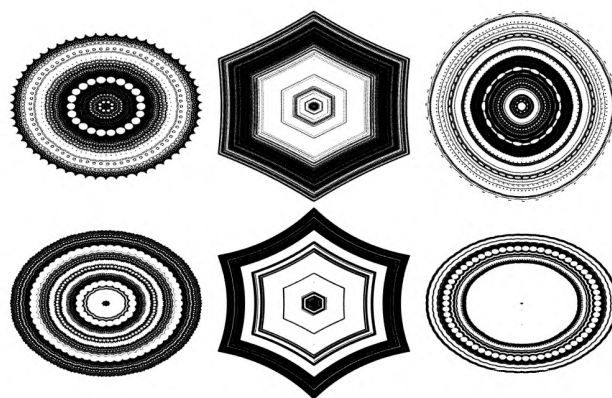


Rysunek 117. Wybrane osobniki populacji końcowej (60 000 iteracji)

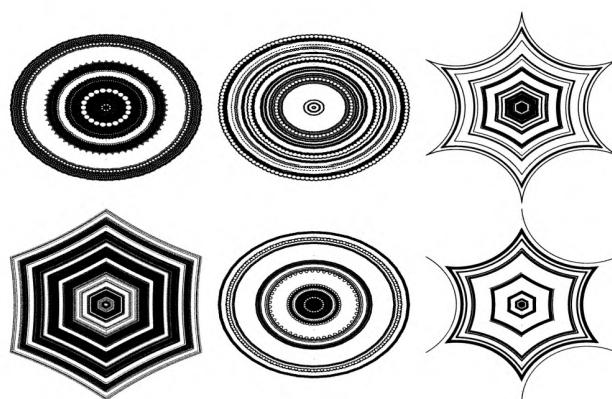




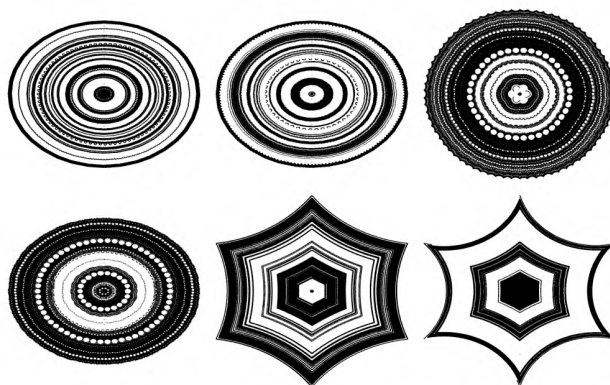
Rysunek 118. Wybrane osobniki populacji końcowej (80 000 iteracji)



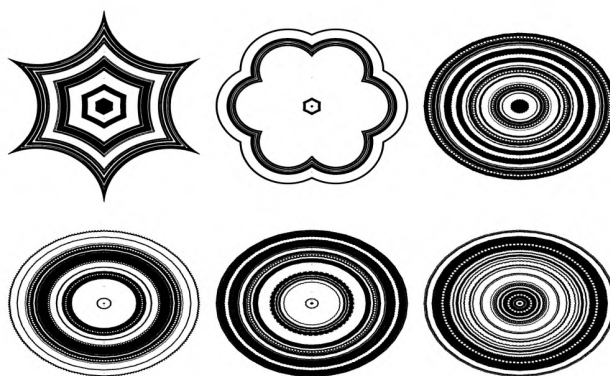
Rysunek 119. Wybrane osobniki populacji końcowej (150 000 iteracji)



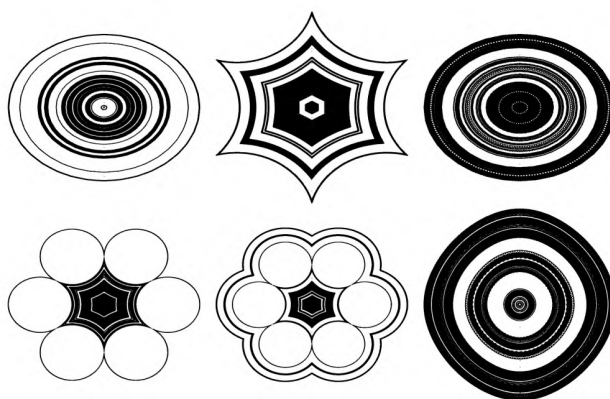
Rysunek 120. Wybrane osobniki populacji końcowej (200 000 iteracji)



Rysunek 121. Wybrane osobniki populacji końcowej (300 000 iteracji)



Rysunek 122. Wybrane osobniki populacji końcowej (500 000 iteracji)



Rysunek 123. Wybrane osobniki populacji końcowej (1 000 000 iteracji)

Algorytm genetyczny dla każdej liczby iteracji odnalazł najwyżej ocenione osobniki, które różnią się wizualnie między sobą. Wartości parametrów wygenerowanych osobników końcowych z niniejszego rozdziału wraz liczbą iteracji znajdują się w dodatkach na płycie dołączonej do pracy.

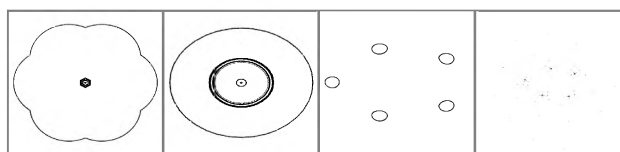
Analizując wizualizacje najwyżej ocenionych osobników przy różnych iteracjach można zauważyć różnice w ich strukturze. Każda zmiana liczby iteracji pozwala uzyskać wzory niedostępne przy innej ich liczbie. Cecha ta występuje przy wszystkich przebadanych w pracy systemach dynamicznych: Hopalong, QuadrapTwo i różnych przekształceniach Gumowskiego-Miry.

Zmieniając liczbę iteracji na początku przeprowadzonego badania można uzyskać inny zbiór wysoko ocenionych osobników, czyli tym samym można poszerzyć zbiór rozwiązań. Niestety zmian iteracji wizualizacji nie można wprowadzać podczas działania algorytmu genetycznego, ponieważ wcześniej wysoko ocenione osobniki mogą zmienić swe cechy i uzyskać niższą ocenę. Podobnie nisko ocenione wcześniej wizualizacje mogą przy innych wartościach zwiększyć swoją ocenę.

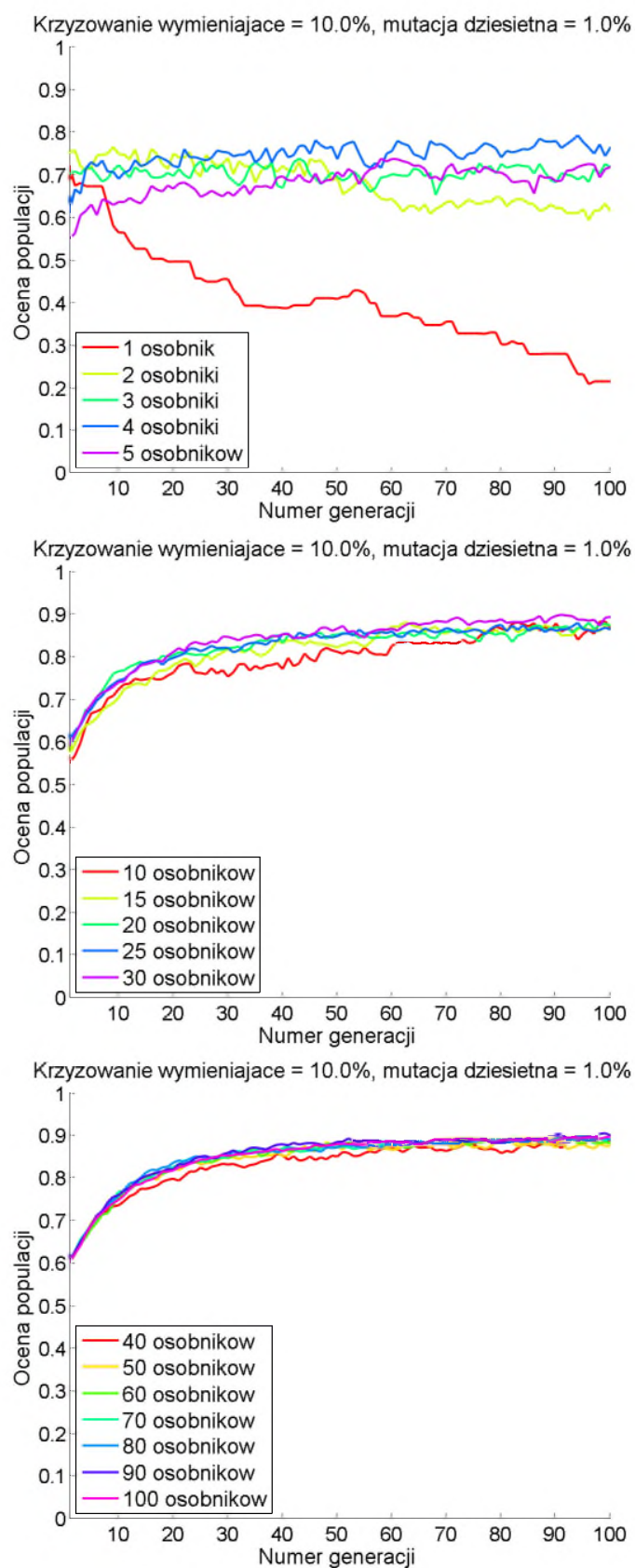
### 5.9. Wpływ liczebności populacji na jej rozwój

Zachowując parametry prawdopodobieństwa jak w poprzednich rozdziałach przebadany zostanie wpływ liczebności populacji na jej rozwój. Liczba osobników w populacji została ustawiona na samym początku każdego eksperymentu i była stała, aż do jego zakończenia. Liczba iteracji tworzących osobniki była stała i wynosiła 40 000, podobnie jak w większości poprzednich badań.

Populacja początkowa składała się z powtarzających się 4 osobników. W przypadku populacji mniejszej od 4 osobników, w jej skład wchodziły osobniki według kolejności od lewej z rys. 124.



Rysunek 124. Osobniki populacji początkowej.



Rysunek 125. Wpływ liczebności osobników na rozwój populacji.

W doświadczeniu liczebność osobników była systematycznie zwiększana, jednakże wraz ze wzrostem liczebności przy wyższych wartościach, różnice w wynikowych przebiegach były coraz mniejsze, stąd wykresy zostały odpowiednio zgrupowane.

Jak łatwo zaobserwować na rys. 125 począwszy od populacji liczącej 50 osobników, zwiększanie ich liczby nie wpływa zauważalnie na średnią ocenę populacji. Ewolucja przebiega poprawnie, gdy populacja składa się z co najmniej 15 osobników i wyniki pod koniec doświadczenia (warunek zatrzymania – 100 generacji) są do siebie zbliżone.

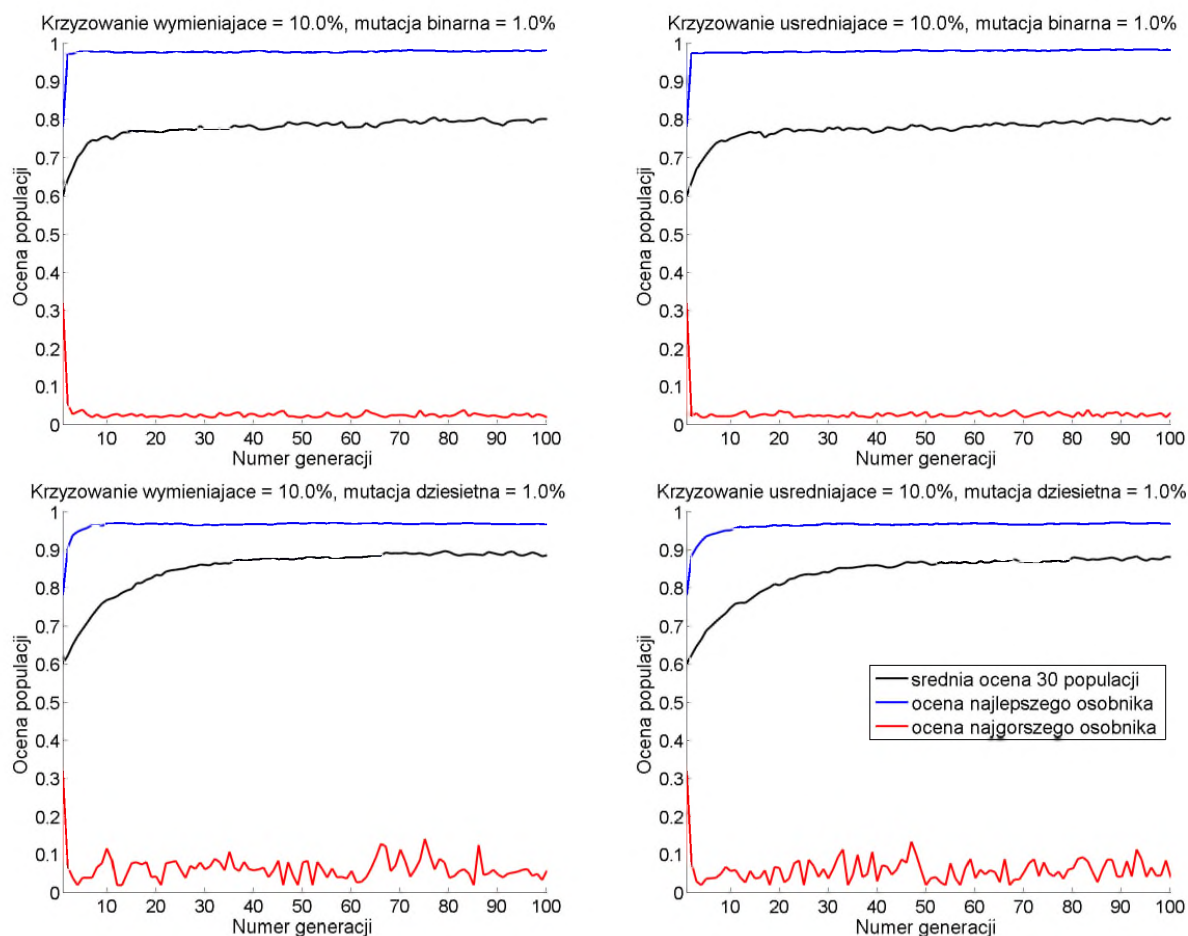
Ocena populacji składającej się z najwyżej 5 osobników utrzymuje się na tym samym poziomie. W przypadku 2 osobników ocena delikatnie spada, natomiast w przypadku jednego osobnika ocena spada znacznie wraz z każdą kolejną generacją.

Należy zauważyć, że w przypadku generacji składającej się z jednego osobnika, przeprowadzenie krzyżowania jest niemożliwe, a nawet jeżeli dopuści się taką możliwość, nie wprowadzi ono żadnych zmian. Z tego powodu jedyną możliwą drogą rozwoju takiej populacji jest mutacja. Jeżeli mutacja wpłynęła na osobnika w negatywny sposób, selekcja wybierała go mimo wszystko jako jedynego najlepszego. W przypadku 2 osobników zawsze mógł zostać dwukrotnie wybrany lepiej przystosowany osobnik i mimo krzyżowania w kolejnej generacji, nie wprowadzającego żadnych zmian, osobniki mogły ewoluować dzięki mutacji.

#### **5.10. Wpływ rodzaju selekcji na rozwój populacji**

Badanie zostało przeprowadzone z wykorzystaniem tego samego systemu dynamicznego i przy tych samych wartościach parametrów mutacji oraz krzyżowania. Rodzaje mutacji i krzyżowania były zmieniane. Wykresy zostały zgrupowane w celu łatwiejszej obserwacji wyników.

Pierwsza w kolejności została przebadana selekcja metodą koła ruletki. Na wykresach (rys. 126), poza średnią oceną populacji, zostały przedstawione oceny najlepszego i najgorszego osobnika w każdej generacji.

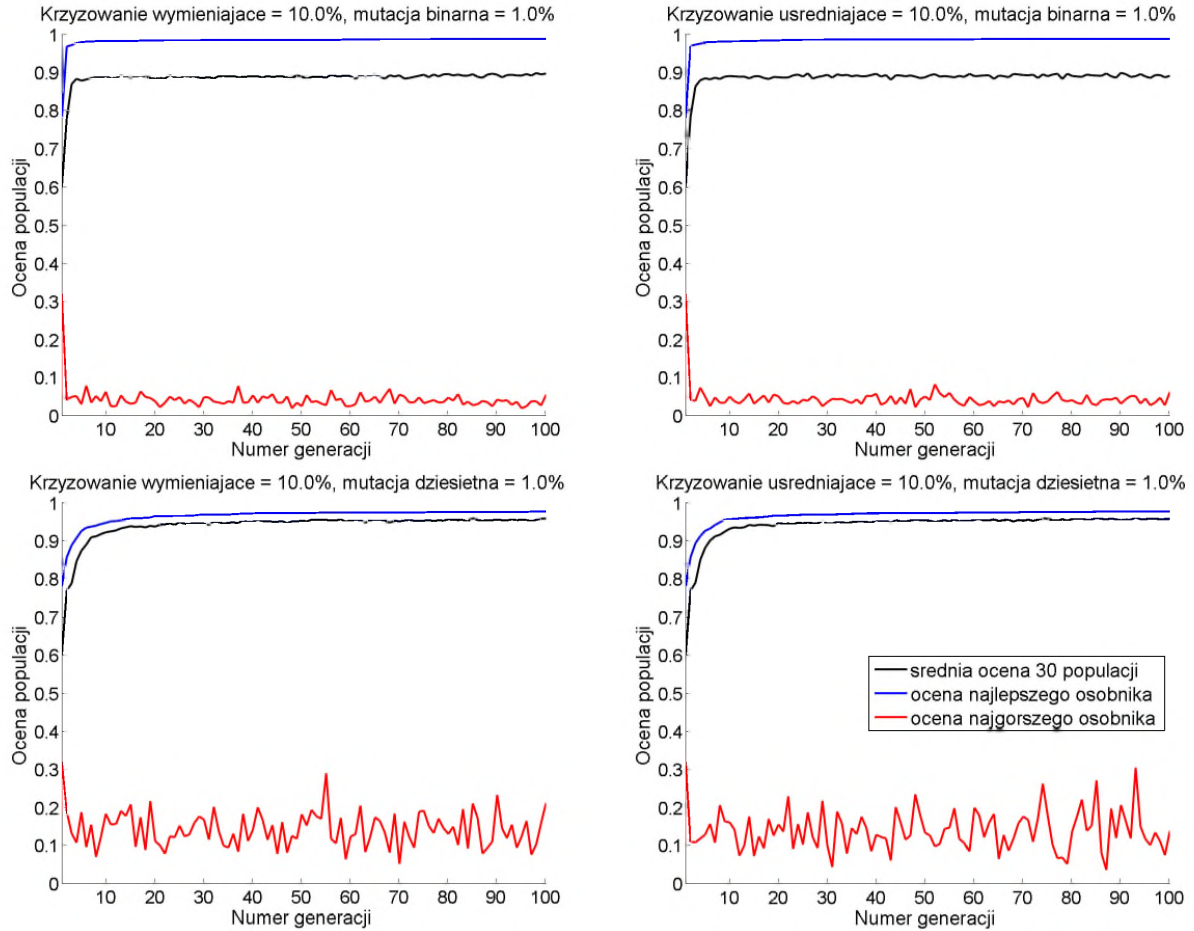


Rysunek 126. Wpływ selekcji koła ruletki na rozwój populacji.

Na wykresach (rys. 126) można wyraźnie zauważyć, że mimo powolnego wzrostu średniej arytmetycznej oceny w każdej generacji podczas mutacji dziesiętnej, uzyskuje ona wyższe wartości od doświadczeń z mutacją binarną.

W kolejnym doświadczeniu sprawdzono działanie algorytmu z selekcją turniejową.

Podobnie jak w przypadku selekcji koła ruletki, wyniki mutacji dziesiętnej dla selekcji turniejowej (rys. 127), mimo początkowego powolnego wzrostu, dają lepsze rezultaty w oparciu o ocenę populacji. Wahania wartości oceny najgorszego osobnika są znacznie większe niż w przypadku selekcji koła ruletki. Może to wskazywać na większą różnorodność i lepsze przeszukiwanie przestrzeni rozwiązań.



Rysunek 127. Wpływ selekcji turniejowej na rozwój populacji.

W dalszej części badania biorą udział dwie liniowe selekcje rangowe opisane wzorem (45) oraz dwie potęgowe selekcje rangowe o wzorze (46).

$$p(x_n) = a + k \left( 1 - \frac{r(x_n)}{r_{max}} \right), \quad (45)$$

gdzie  $a$  i  $k$  to parametry decydujące o skali różnicy między osobnikami,  $r(x_n)$  to ranga osobnika  $x_n$ ,  $r_{max}$  to liczba osobników pomniejszona o 1.

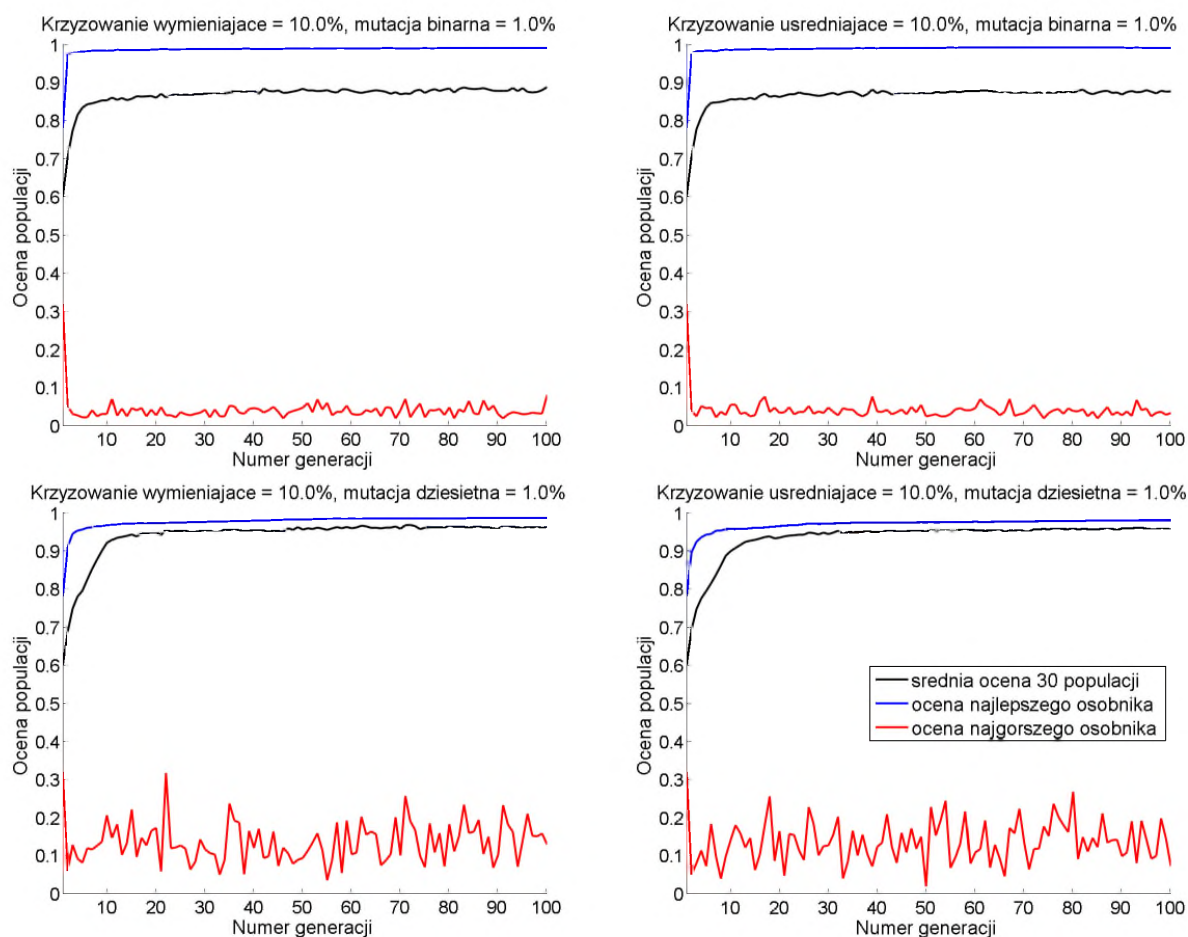
$$p(x_n) = a + k (r_{max} - r(x_n))^p, \quad (46)$$

gdzie  $a$ ,  $k$  i  $p$  to parametry decydujące o skali różnicy między osobnikami,  $r(x_n)$  to ranga osobnika  $x_n$ ,  $r_{max}$  to liczba osobników pomniejszona o 1.



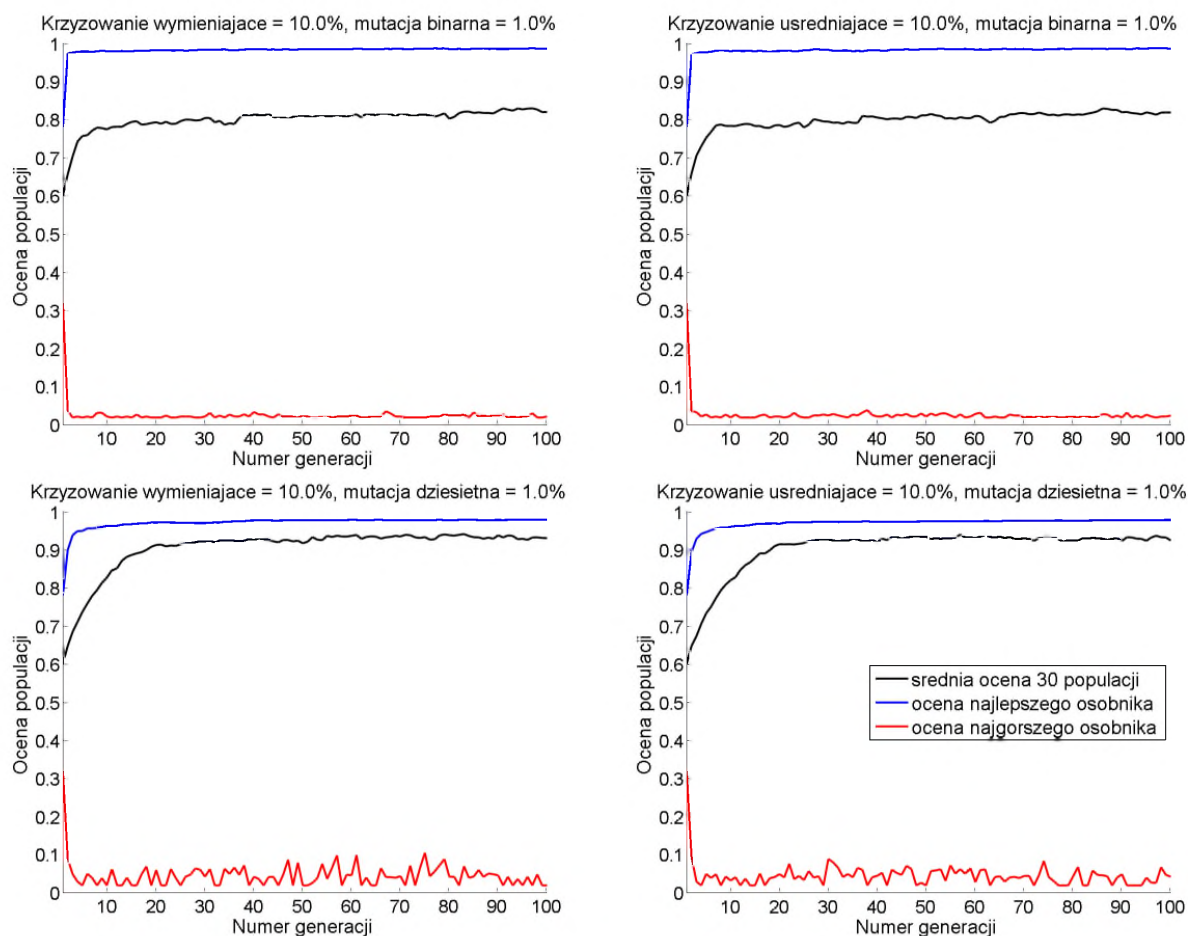
Na początku zostaną przedstawione wykresy dla każdego typu selekcji rangowej o różnych parametrach  $a$  i  $k$ . Poza przedstawieniem średniej arytmetycznej ocen populacji, zostaną przedstawione oceny najgorszego i najlepszego osobnika każdej generacji.

Na wykresach (rys. 128, 129) można zauważyć tendencję zaobserwowaną podczas badań innych selekcji. Ponownie mutacja dziesiętna daje lepsze rezultaty po kilkunastu pierwszych generacjach w porównaniu do mutacji binarnej. Na rys. 128 wahanie oceny najgorszego osobnika generacji jest porównywalne z wynikami selekcji turniejowej. W przypadku wyników z rys. 129 wahania przypominają wyniki selekcji koła ruletki.



Rysunek 128. Wpływ liniowej selekcji rangowej na rozwój populacji.  
Parametry badania:  $a = 0,0$ ,  $k = 0,02$ .





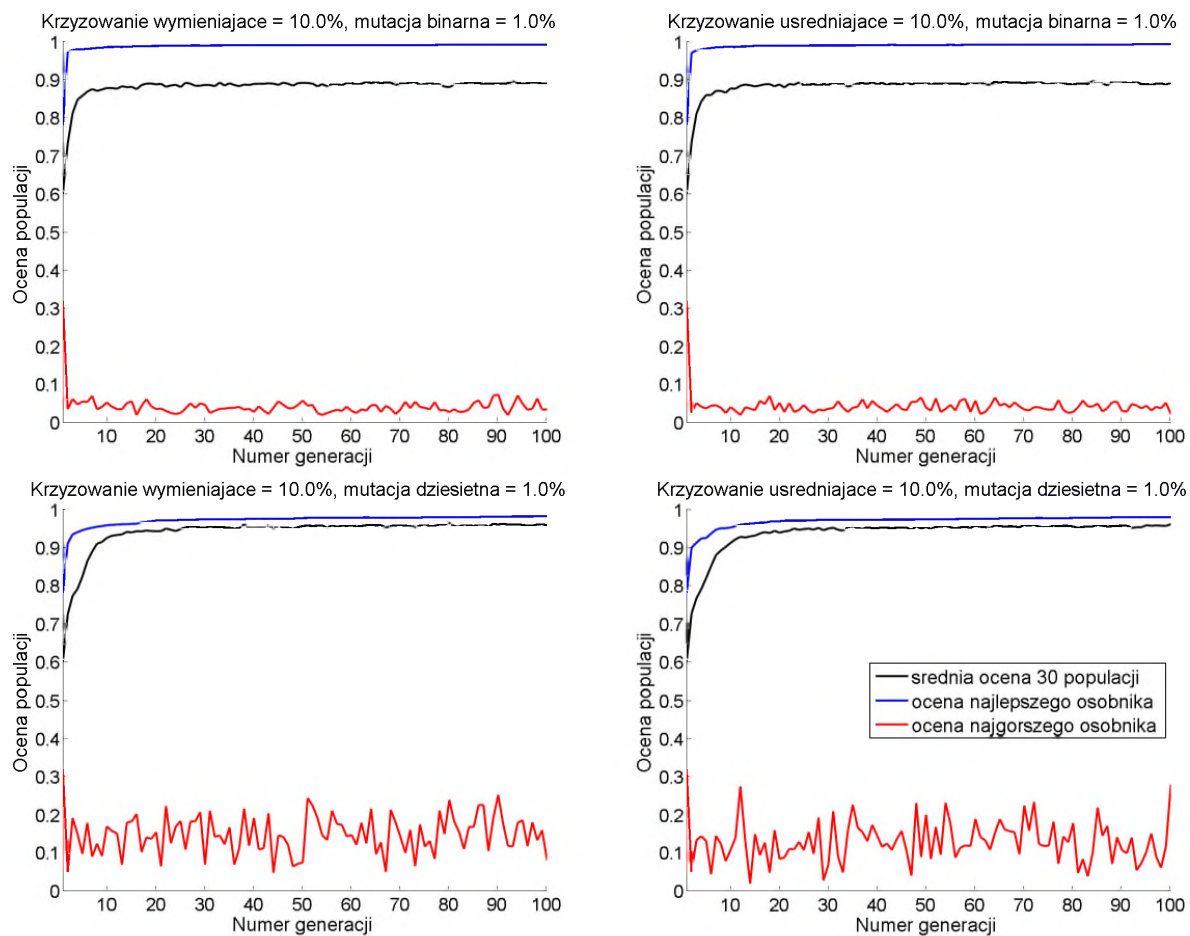
Rysunek 129. Wpływ liniowej selekcji rangowej na rozwój populacji.

Parametry badania:  $\alpha = 0,005$ ,  $k = 0,01$ .

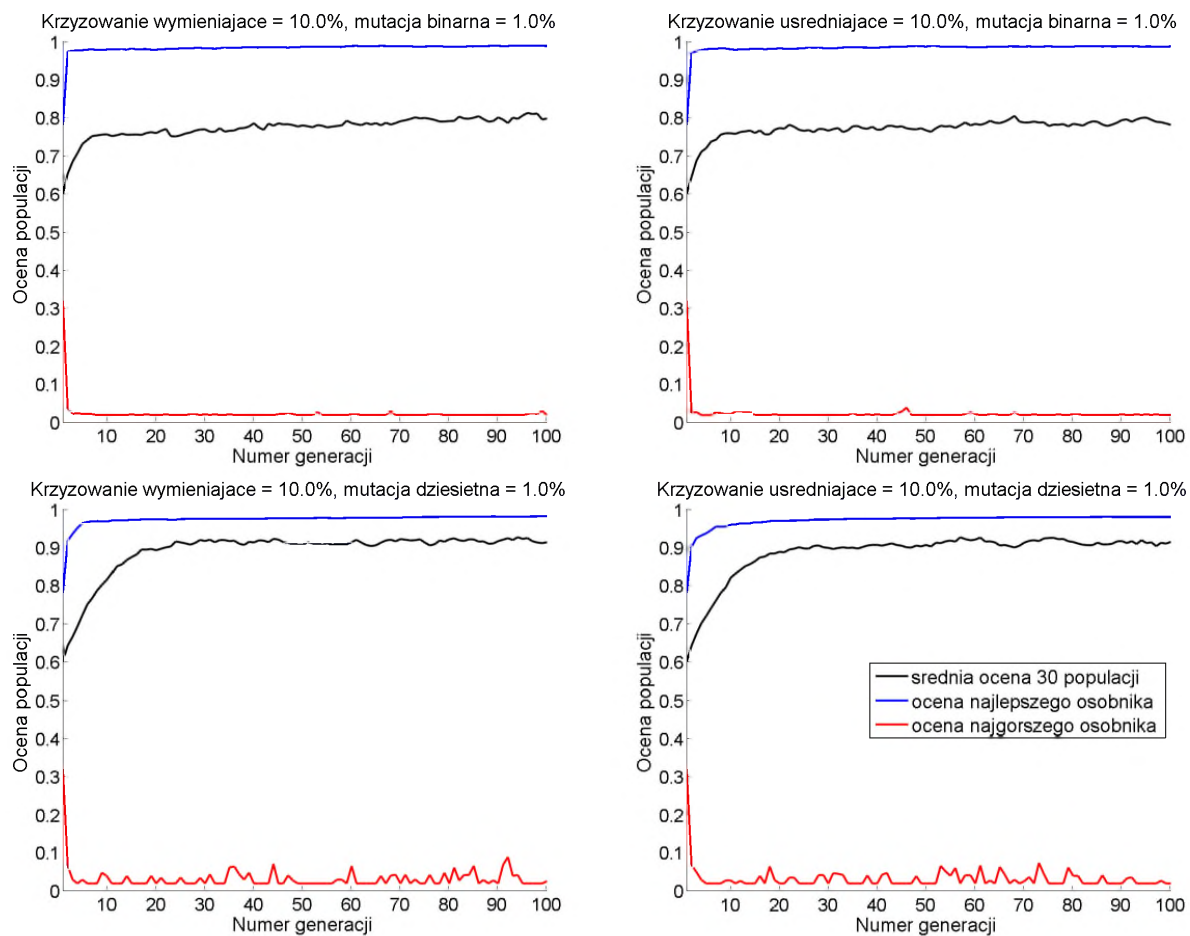
W następnej kolejności w analogiczny sposób zostaną przedstawione wyniki użycia potęgowej selekcji rangowej.

Podobnie jak przy liniowej selekcji rangowej, potęgowa jej odmiana przy większym parametrze  $k$  wykazuje większe wahania oceny osobnika ocenionego najniżej (rys. 130, 131).

Wyniki średnich arytmetycznych ocen dla badań selekcji rangowych zostały zgrupowane na wykresach z rys. 132.

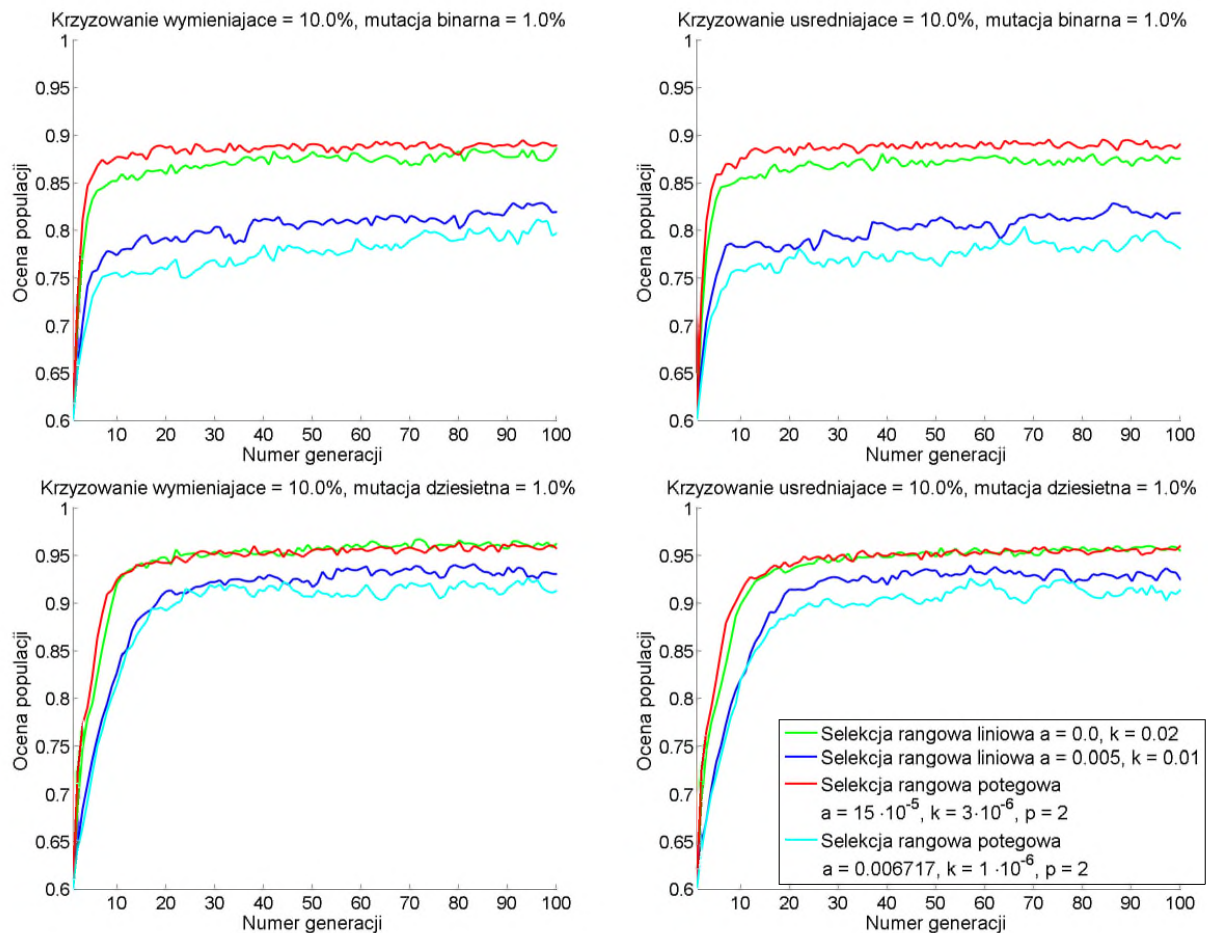


Rysunek 130. Wpływ potęgowej selekcji rangowej na rozwój populacji.  
Parametry badania:  $\alpha = 15 \cdot 10^{-5}$ ,  $k = 3 \cdot 10^{-6}$ ,  $p = 2$ .



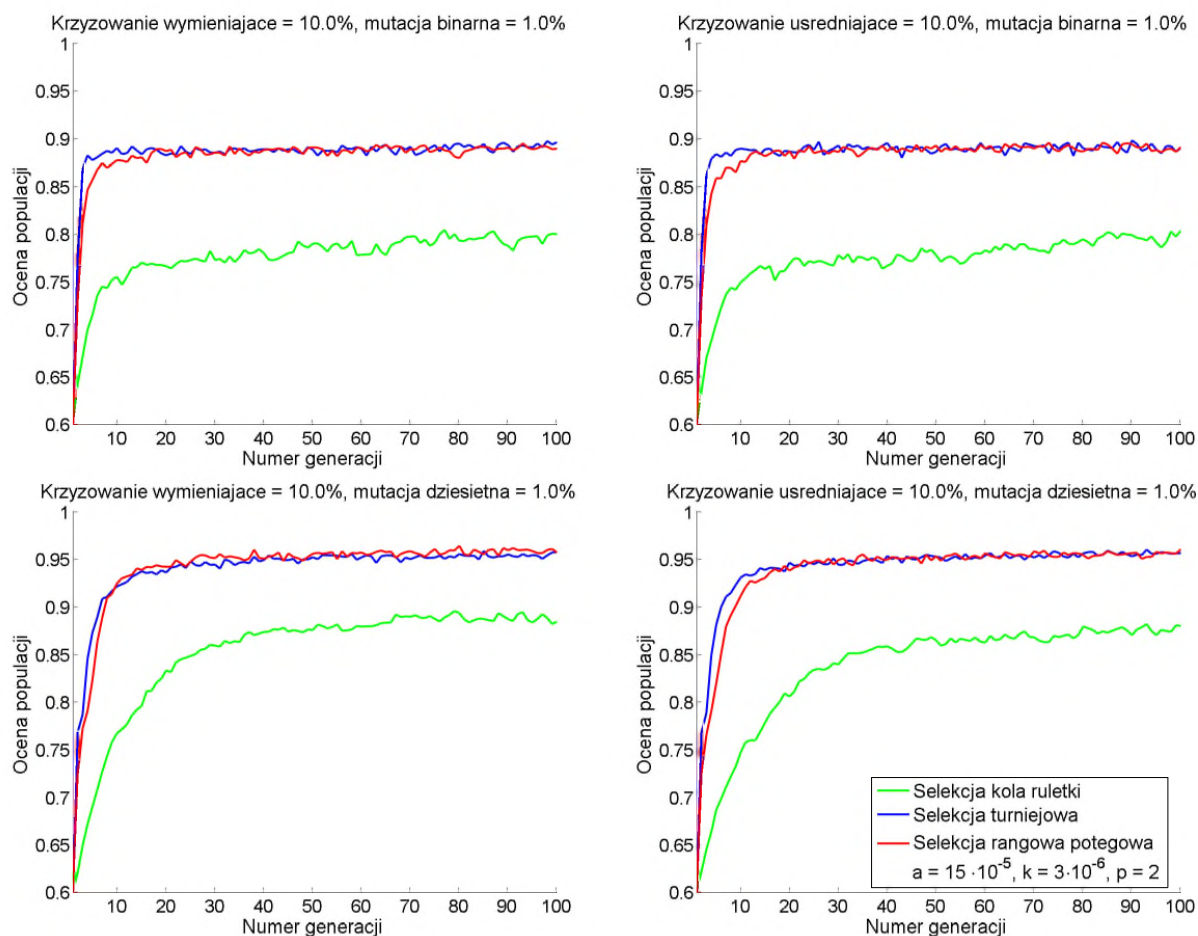
Rysunek 131. Wpływ potęgowej selekcji rangowej na rozwój populacji.  
Parametry badania:  $a = 0,006717$ ,  $k = 1 \cdot 10^{-6}$ ,  $p = 2$ .

Określenie najlepszego rodzaju selekcji i jej parametrów jest łatwiejsze przy zastosowanej mutacji binarnej. Najlepsze wyniki osiągnęła selekcja rangowa potęgowa o parametrach  $a = 15 \cdot 10^{-5}$ ,  $k = 3 \cdot 10^{-6}$  oraz potędze  $p = 2$  (zaznaczona na rys. 132 kolorem czerwonym). Decyduje o tym jej szybszy początkowy wzrost od selekcji liniowej o parametrze  $a = 0$  i  $k = 0,02$  i podobne wahania wartości w dalszych generacjach.



Rysunek 132. Wpływ selekcji rangowej na rozwój populacji.

Najlepsza selekcja rangowa została zaprezentowana na rys. 133 razem z selekcją turniejową i selekcją opartą na kole ruletki. W celu łatwiejszej obserwacji selekcja rangowa została ponownie zaznaczona kolorem czerwonym.



Rysunek 133. Wpływ różnych rodzajów selekcji na rozwój populacji.

Na wykresach z rys. 133 można zauważyć, że znacznie lepsze wyniki w porównaniu do selekcji opartej na kole ruletki posiada selekcja turniejowa i selekcja rangowa. Różnice między wynikami działania selekcji rangowej i turniejowej są niewielkie i zauważalne są jedynie w pierwszych 10–20 populacjach. Selekcja turniejowa, w oparciu o wykresy z rys. 133, przeważnie daje lepsze rezultaty w początkowych generacjach, natomiast w późniejszych generacjach wyniki selekcji turniejowej i wybranej selekcji rangowej są porównywalne.

Wykresy zawierające, poza średnimi arytmetycznymi ocenami populacji, oceny najgorszego osobnika (rys. 126–131), które znajdują się na niskich wartościach wykresu pokazują, że wyższe oceny selekcji turniejowej oraz rangowej nie wynikają z szybkiego zbierania się algorytmu. Lepsze rezultaty selekcji rangowej w porównaniu do selekcji koła ruletki wiążą się z większym naciskiem selekcyjnym, czyli większym prawdopodobieństwem wyboru lepiej przystosowanych osobników w populacji.

## Wnioski końcowe

Współczesne wzornictwo przemysłowe zaczęło odgrywać istotną rolę już za czasów secesji (początek XX w.), a powszechny rozwój przypada na lata 20. XX wieku, za sprawą nurtu art déco. Starano się w nim łączyć ze sobą funkcjonalność przedmiotu ze sztuką. Założeniem było dotarcie do szerokiego grona odbiorców, co jednak uniemożliwiała cena produktów.

Duża konkurencja wśród twórców szeroko rozumianej i ogólnie dostępnej elektroniki wymusza, poza zapewnieniem funkcjonalności, dużą różnorodność, oryginalność i unikalność produktu pod względem wizualnym. Wcześniej ten aspekt był często pomijany i występował jedynie w produktach drogich marek. Współczesny konsument, poza parametrami, zwraca coraz większą uwagę na jakość wykonania oraz wzornictwo (tzw. design). W celu zwiększenia atrakcyjności produktów producenci poszukują nowego, odmiennego od pomysłów konkurencji, wzornictwa.

Niniejsza praca przedstawia propozycje wspomagania etapu tworzenia wizualnych walorów produktu, w oparciu o struktury fraktalne i systemy dynamiczne. Cechą obu struktur jest możliwość uzyskania dużej liczby różnorodnych konstrukcji wizualnych. Trudności w określeniu zakresu poszukiwań, a także brak możliwości przedstawienia przykładowych poszukiwanych rozwiązań, wymagają zastosowania algorytmu nie potrzebującego tego rodzaju informacji. Algorytmy genetyczne nie wymagają sprecyzowania wiedzy na temat poszukiwanego rozwiązania, ani określenia zakresu przestrzeni badania, dzięki czemu mogą być właściwym wyborem. Etap selekcji pozwala wyłonić z zebranego zestawu fraktali tylko te, które posiadają wysoką ocenę rozwiązania, co jest dodatkową zaletą algorytmu. Ocena rozwiązania opiera się na statystycznym modelu matematycznym skonstruowanym na podstawie wyników ankiety. Było to konieczne ze względu na trudność określenia miary estetycznej.

W pracy zostały przedstawione wyniki działania krzyżowania na jednakową, nisko ocenioną populację, gdzie wyraźnie można było zauważyć, że krzyżowanie działa najefektywniej, gdy parametr prawdopodobieństwa jego nastąpienia wynosi 0,1. Zostało wykazane również, że krzyżowanie wymieniające uzyskuje lepsze wyniki (0,95) niż krzyżowanie uśredniające (0,93), jednakże można je uznać za porównywalne.

Dokonano podobnego porównania dotyczącego mutacji binarnej i dziesiętnej. Mutacje działały najefektywniej przy parametrze prawdopodobieństwa ich nastąpienia równym 0,01, przy

czym wyniki mutacji dziesiątnej były wyraźnie lepsze.

Badania umieszczone w rozdziale 5.10 opisują porównanie selekcji metodą koła ruletki, selekcji turniejowej i selekcji rangowej. Selekcja metodą koła ruletki wypada gorzej w porównaniu do selekcji turniejowej i rangowej, których wyniki są porównywalne. Dodatkowo w przypadku selekcji metodą koła ruletki, selekcji turniejowej oraz selekcji rangowej można zauważyć dużą różnicę między ocenami najlepszego i najgorszego osobnika populacji, co oznacza, że w żadnym momencie osobniki populacji nie zbiegały do jednego ekstremum lokalnego, co jest jednoznaczne z zachowaniem różnorodności.

Rozdział 5.6, poza wykresami przebiegu doświadczenia dla różnych wzorów generujących systemy dynamiczne i fraktale IFS, zawiera opis wybranych wizualizacji osobników z ostatniej generacji.

W pozostałych rozdziałach zaprezentowano wpływ losowości na generowanie populacji początkowej (5.1), wpływ liczby osobników na rozwój populacji (5.9), wpływ liczby iteracji na wizualizacje systemów dynamicznych wraz z wygenerowanymi najwyżej ocenionymi osobnikami dla konkretnej liczby iteracji (5.7) oraz przebieg pojedynczej populacji w formie wykresu i wizualizacji osobników (5.5).

Przeprowadzone w pracy badania dowodzą tezy postawionej na początku pracy.

Wizualizacja struktur fraktalnych, ze względu na dużą liczbę obliczeń, nie jest możliwa bez zastosowania do tego celu komputera.

Mimo parametrów stacji roboczej (tabela 4), na której zostały przeprowadzone badania, konstrukcja pojedynczej generacji składającej się ze 100 osobników trwała ok. 5 sekund. Warunkiem końcowym każdego badania było osiągnięcie 100 generacji. Większość badań przedstawiała uśrednione wyniki z 30 uruchomień algorytmu. Podsumowując, pojedyncze badanie trwało ok. 250 minut.

Szybkość działania algorytmu może zostać zwiększona poprzez wykorzystanie technologii CUDA rozwijanej przez firmę nVidia, która pozwoli wykorzystywać kartę graficzną nie tylko do wizualizacji w czasie rzeczywistym, ale również do obliczeń wymaganych podczas działania algorytmu [56]. Rozbudowanie algorytmu o bibliotekę OpenCL umożliwiłoby obliczenia wielowątkowe na dostępnych rdzeniach CPU i GPU, bez precyzowania charakterystyki komputera, na którym algorytm zostanie uruchomiony [57, 68].



Dalsze badania mogą być związane z rozszerzeniem liczby cech wizualnych, modyfikacjami oceny przystosowania oraz wykorzystaniem innych parametrów algorytmu genetycznego. Zbiór wykorzystanych wzorów generujących systemy dynamiczne można rozszerzać o nowe będące ich modyfikacjami.

Za pomocą stworzonego algorytmu można również oceniać obrazy monochromatyczne zamienione na chmurę punktów.

Wyniki niniejszej pracy mogą posłużyć do zwiększenia wizualnej estetyki przedmiotów codziennego użytku. Przykład takiego zastosowania (kubek, serwetka, kafelki) przedstawiono na renderingu z rys. 134.



Rysunek 134. Przykładowa wizualizacja możliwego zastosowania wyników badań.



## Bibliografia

- [1] Addison P. S. „Fractals and Chaos: An illustrated course”, CRC Press 1997, s. 16-21
- [2] Arnell Group „Breathtaking Design Strategy”, Arnell Group 2008
- [3] Ashlock D. „Evolutionary Exploration of the Mandelbrot Set”, Evolutionary Computation 2006, s. 7432-7439
- [4] Ashlock D., Jamieson B. „Evolutionary Exploration of Generalized Julia Sets”, Computational Intelligence in Image and Signal Processing 2007, s. 163-170
- [5] Ashlock D., Jamieson B. „Evolutionary Exploration of Complex Fractals”, Design by Evolution, Springer 2008, s. 121-143
- [6] Ashlock D., Brown J.A. „Fitness Functions for Searching the Mandelbrot Set”, Evolutionary Computation (CEC) 2011, s. 1108-1115
- [7] Baish J.W., Jain R.K. „Fractals and Cancer”, Cancer research 2000, s. 3683-3688
- [8] Barnsley M.F. „Fractals Everywhere”, Morgan Kaufmann Pub 1993
- [9] Barnsley M., Hutchinson J. E., Stenflo Ö. „V-variable fractals and superfractals.” arXiv preprint math/0312314 2003
- [10] Bartnik E. „ABC genetyki”, Prószyński i S-ka, Warszawa 1999
- [11] Beebe-Centera J.G., Pratta C.C. „A Test of Birkhoff'S Aesthetic Measure”, The Journal of General Psychology 1937, s. 339-353
- [12] Birkhoff G.D. „Aesthetic Measure”, Cambridge, Harvard University Press 1933
- [13] Birren F. „Color Psychology and Color Therapy: A Factual Study of the Influence of Color on Human Life”, Kessinger Publishing 2006
- [14] Bovill C. „Fractal Geometry in Architecture and Design”, Springer 1996
- [15] Castro M.A., Perez-Luque M.J. „Fractal Geometry Describes the Beauty of Infinity in Nature”, Bridges: Mathematical Connections in Art, Music, and Science 2003, s. 407-414
- [16] Chang A., Zhang T. „The Fractal Geometry of the Boundary of Dragon Curves”, Baywood Publishing 2000, s. 9-22
- [17] Chapuis J., Lutton E. „ArtiE-Fract: Interactive Evolution of Fractals”, International Conference on Generative Art 2001
- [18] Cohen N. „Fractal Antennas and Fractal Resonators”, U.S. Patent 6,452,553 2002
- [19] Eco U. „Historia piękna”, Dom Wydawniczy Rebis, Poznań 2005
- [20] Eiben A.E., van Kemenade C.H.M., Kok J.N. „Orgy in the Computer: Multi-Parent Reproduction in Genetic Algorithms”, 3rd European Conference on Artificial Life, Spain 1995, s. 934-945
- [21] Falconer K. J. „Fractal Geometry: Mathematical Foundations and Applications”, Chichester: Wiley 2003

- [22] Gdawiec K., Kotarski W., Lisowska A. „Automatyczne generowanie estetycznych wzorów za pomocą transformacji Gumowskiego-Miry”, Systemy wspomagania decyzji, Katowice 2011, s. 219-226
- [23] Glossary of Terms for Device Independence, W3C Working Draft 18 January 2005
- [24] Goldberg D.E. „Genetic Algorithms in Search, Optimization, and Machine Learning”, Addison-Wesley Professional 1989
- [25] Greenberg C. „Stan krytki”, Kraków 2006
- [26] Den Heijer E., Eiben A.E. „Comparing Aesthetic Measures for Evolutionary Art”, Applications of Evolutionary Computation, Springer 2010, s. 311-320
- [27] Heinz-Otto P. „Granice chaosu. Fraktale”, Wydawnictwo Naukowe PWN 2002
- [28] Herdy M. „Application of the Evolutions Strategie to Discrete Optimization Problems”, Springer 1991, s. 188-192
- [29] Hoffman T.A. „Sztuka czarno-białej fotografii”, Helion, Gliwice 2009
- [30] Holland J.H. „Adaptation in Natural and Artificial Systems”, Oxford, England 1975
- [31] International Organization for Standardization, ISO 9241-210:2010 Human-centred design for interactive systems, Ergonomics of human–system interaction
- [32] Iorfida V., Lorenzi M.G., Francaviglia M. „Fractal Aesthetics in Geometrical Art Forms”, Bridges 2011: Mathematics, Music, Art, Architecture, Culture, 2011, s. 467-470
- [33] Joye Y. „Fractal Architecture Could Be Good for You”, Nexus Network Journal 2007, s. 311-320
- [34] Julia G. „Mémoire sur l’itération des fonctions rationnelles”, Journal de mathématiques 1918
- [35] Kaku M. „Hiperprzestrzeń. Wszechświaty równoległe, pętle czasowe i dziesiąty wymiar”, Prószyński Media 2010
- [36] Khouw N. „The Meaning of Color for Gender”, Color Matters Research Page, [www.colormatters.com/khouw.html](http://www.colormatters.com/khouw.html)
- [37] Kotarski W., Gdawiec K., Lisowska A. „Metody generowania estetycznych wzorów”, Systemy wspomagania decyzji, Katowice 2012, s. 331-339
- [38] Kuspit D. „Koniec sztuki”, Muzeum Narodowe w Gdańsku 2006
- [39] Maallem H.B., Richard P., Ferrier J.L., Labib A. „Using Gumowski-Mira Maps for Artistic Creation”, 12th Generative Art Conference 2009, s. 308-315
- [40] Machnik G.T. „Tworzenie wzorów użytkowych w oparciu o mutowane genetycznie struktury fraktalne”, Systemy wspomagania decyzji, Katowice 2011, s. 337-344
- [41] Machnik G.T. „Metody ograniczenia zakresu losowości mutacji na przykładzie fraktali IFS”, Systemy wspomagania decyzji, Katowice 2012, s. 341-348
- [42] Machnik G.T., Chodacki M. „Ewolucyjne projektowanie wzorów użytkowych”, Systemy wspomagania decyzji, Katowice 2013

- [43] Machnik G.T. „Wizualizacja procesu ewolucyjnego”, praca magisterska, Katowice 2008
- [44] Machnik G.T. „Google Docs Service as Statistical Research Automation Tool in Aspect of Fractal Patterns Perception”, Internet in the Information Society, Computer Systems Architecture and Security, Dąbrowa Górnicza 2013, s. 151-158
- [45] Machnik G.T. „Symulacja i wizualizacja procesów ewolucji naturalnej”, Systemy wspomagania decyzji, Katowice 2009, s. 333-341
- [46] Machnik G.T., Chodacki M. „Algorytmy genetyczne w projektowaniu wzorów przemysłowych”, Systemy inteligencji obliczeniowej, Katowice 2014, s. 123-132
- [47] Mandelbrot B. „The Fractal Geometry of Nature”, Macmillan 1983
- [48] Michalewicz Z. „Algorytmy genetyczne + struktury danych = programy ewolucyjne”, Wydawnictwo Naukowo-Techniczne, Warszawa 1996
- [49] Michalewicz Z., Fogel D.B. „Jak to rozwiązać, czyli nowoczesna heurystyka”, Wydawnictwa Naukowo-Techniczne, Warszawa 2006
- [50] Mitchell K. „Fractal Art Manifesto”,  
<https://www.fractalus.com/kerry/articles/manifesto/fa-manifesto.html>, 1999
- [51] Mitchell K., Parke J. „Using a Fractal Program to Model Vortical Flows”, Bridges: Mathematical Connections in Art, Music, and Science 2004, s. 173-180
- [52] Moroni A., Manzolli J., Von Zuben F. „Composing with Interactive Genetic Algorithms”, VII Brazilian Symposium on Computer Music 2000
- [53] Muthuregunathan R., Venkataraman D., Rajasekaran P. „Cryptanalysis of Knapsack Cipher using Parallel Evolutionary Computing”, International Journal of Recent Trends in Engineering and Technology 2009, s. 260-263
- [54] Naud M., Richard P., Chapeau-Blondeau F., Ferrier J.-L. „Automatic Generation of Aesthetic Images for Computer-Assisted Virtual Fashion Design”, Proceedings 10th Generative Art Conference, Italy 2007
- [55] Norby R., Kasza D., Witt A. „Fractals”, [www.scientiareview.org](http://www.scientiareview.org)
- [56] Nvidia Corporation „Obliczenia równoległe CUDA”,  
<http://www.nvidia.pl/object/cuda-parallel-computing-pl.html>
- [57] OpenCL - Khronos Group „The Open Standard for Parallel Programming of Heterogeneous Systems” <https://www.khronos.org/opencl/>
- [58] Otsubo K., Washida M., Itoh T., Katsuura K., Hayashi M. „Computer Simulation on the Gumowski-Mira Transformation”, Forma 2000, s. 121-126
- [59] Pang W., Hui K.C. „Interactive Evolutionary 3D Fractal Modeling with Modified IFS”, Computer-Aided Design & Applications 2009, s. 55-67
- [60] Parke J. „Layering Fractal Elements to Create Works of Art”, Bridges: Mathematical Connections in Art, Music, and Science 2002, s. 99-108
- [61] Parke J. „Fractal Art - A Comparison of Styles”, Bridges: Mathematical Connections in Art, Music, and Science 2004, s. 19-26

- [62] Da Pos O., Green-Armytage P. „Facial Expressions, Colours and Basic Emotions”, Colour: Design & Creativity 2007, s. 1-20
- [63] Prawo własności przemysłowej, ustawa z dnia 30 czerwca 2000 r.
- [64] Prusinkiewicz P., Lindenmayer, A. „The algorithmic beauty of plants.”, Springer Science & Business Media 2012
- [65] Rigau J., Feixas M., Sbert M. „Conceptualizing Birkhoff’s Aesthetic Measure Using Shannon Entropy and Kolmogorov Complexity”, Computational Aesthetics in Graphics, Visualization, and Imaging 2007, s. 105-112
- [66] Solé R.V., Manrubia S.C., Luque B. „Multifractals in Rainforest Ecosystems: Modelling and Simulation”, Fractals in the Natural and Applied Sciences, North-Holland, Amsterdam 1994, s. 397-407
- [67] Spehara B., Clifford C.W.G., Newell B.R., Taylor R.P. „Universal aesthetic of fractals”, Elsevier Ltd. 2015, s. 813-820
- [68] Stone, J. E., Gohara, D., Shi, G. „OpenCL: A parallel programming standard for heterogeneous computing systems”, Computing in science & engineering 2010, s. 66-73.
- [69] Sutcliffe A. „Designing for User Engagement: Aesthetic and Attractive User Interfaces”, Synthesis Lectures on Human-Centered Informatics 2009
- [70] Wannarumon, S. „An Aesthetics Driven Approach to Jewelry Design.”, Computer-Aided Design & Applications 7(4) 2010, s. 489-503
- [71] Wannarumon S., Bohez E. „A New Aesthetic Evolutionary Approach for Jewelry Design”, Computer-Aided Design & Applications 2006, s. 385-394
- [72] Watson J.D. „DNA. Tajemnica Życia”, Wydawnictwo CiS, Warszawa 2005
- [73] West G.B., Brown J.H., Enquist B.J. „The Fourth Dimension of Life: Fractal Geometry and Allometric Scaling of Organisms”, Science 284 1999, s. 167-169
- [74] Taylor R.P., Spehar B., Wise J.A., Clifford C.W.G., Newell B.R., Martin T.P. „Perceptual and Physiological Responses to the Visual Complexity of Pollock’s Dripped Fractal Patterns”, Nonlinear Dynamics Psychol. Life. Sci 9 2005 s. 89-114
- [75] Traczyk W.Z., Trzebski A. „Fizjologia człowieka z elementami fizjologii stosowanej i klinicznej”, Wydawnictwo lekarskie PZWL 2015, s. 15-29

Uniwersytet Śląski  
Wydział Informatyki i Nauki o Materiałach  
Instytut Informatyki

Grzegorz Tadeusz Machnik

**Algorytmy ewolucyjne w projektowaniu fraktalnych  
wzorów użytkowych  
Dodatki**

praca doktorska

promotor:

prof. dr hab. inż. Wiesława Kotarskiego

opiekun pomocniczy:

dr Miłosław Chodacki

Sosnowiec 2016

## Spis treści

1. Ankieta wykorzystana do stworzenia modelu statystycznego.....	3
1.1. Treść ankiety.....	3
1.2. Kompletne wyniki ankiety.....	14
1.2.1. Ocena obrazów.....	14
1.2.2. Ocena estetyczna.....	16
2. Spis parametrów przedstawionych fraktali.....	18
2.1. Osobniki IFS.....	18
2.1.1. Osobniki nisko ocenionej populacji początkowej.....	18
2.1.2. Osobniki wysoko ocenionej populacji początkowej.....	20
2.2. Osobniki Hopalong.....	24
2.3. Osobniki QuadrapTwo.....	25
2.4. Osobniki Gumowski-Mira.....	27
2.5. Osobniki Gumowski-Mira wygenerowane przy różnej liczbie iteracji.....	30

# 1. Ankieta wykorzystana do stworzenia modelu statystycznego

## 1.1. Treść ankiety

### Estetyczne wzory użytkowe

Proszę o uzupełnienie anonimowej ankiety składającej się z 3 części.

\* Pola wymagane

#### 1. Dane osobowe

Proszę o uzupełnienie oznaczonych gwiazdką pól.

**Imię lub pseudonim \***

**Nazwisko**

**Wiek \***

**Płeć \***

Kobieta

#### 2. Ocena obrazów

Proszę ocenić obraz w skali od 1 do 5.

Na ocenę nie powinny wpływać inne obrazki z ankiety.

1 to obraz brzydki

5 to obraz ładny.

**Obraz 1**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

### Obraz 2



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

### Obraz 3



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

### Obraz 4



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

### Obraz 5



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny



**Obraz 6**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 7**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 8**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 9**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 10**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 11**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 12**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 13**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 14**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 15**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 16**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 17**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

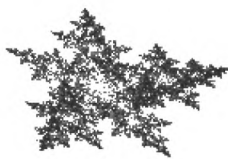
**Obraz 18**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 19**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 20**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 21**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

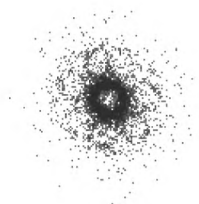
**Obraz 22**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 23**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

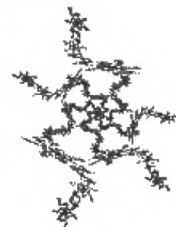
**Obraz 24**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 25**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 26**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 27**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

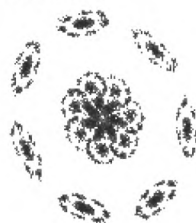
**Obraz 28**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

**Obraz 29**



1 2 3 4 5

Brzydki ☐ ☐ ☐ ☐ ☐ Ładny

Obraz 30



	1	2	3	4	5	
Brzydki	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	Ładny

### 3. Ocena estetyczna

Proszę określić, czy powyższe obrazki były oceniane zgodnie z wymienionymi kryteriami.

#### Symetria

	1	2	3	4	5	
Niesymetryczne						Symetryczny
	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

#### Spójność

	1	2	3	4	5	
Rozłączne						Spójne
	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

#### Ciągłość

	1	2	3	4	5	
Rozsypane						Ciągłe
	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	<input type="radio"/>	

### Krawędzie

1 2 3 4 5

Łagodne

Ostre



### Kształt

1 2 3 4 5

Owalny

Ostry

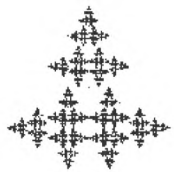


### Naturalny kształt

1 2 3 4 5

Nienaturalne

Naturalne



### Interesujący kształt

1 2 3 4 5

Nieinteresujący

Interesujący

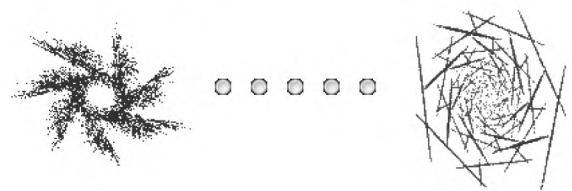




### Efekt trójwymiarowości

1 2 3 4 5

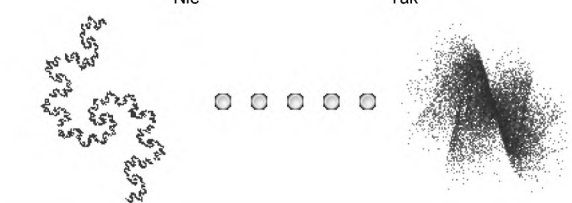
Nie Tak



### Efekt ruchu

1 2 3 4 5

Nie Tak



### Inne cechy oceny

Proszę określić jakie cechy obrazków zostały uznane za najbardziej interesujące

### Dziękuję za uzupełnienie ankiety

W celu zakończenia ankiety proszę nacisnąć przycisk Wyślij.

Wyślij

Powered by [Google Docs](#)

[Report Abuse](#) - [Terms of Service](#) - [Additional Terms](#)

## 1.2. Kompletnie wyniki ankiety

### 1.2.1. Ocena obrazów

Lp.	Wiek	Płeć	Numer obrazu																															
			1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28	29	30		
1	28	Mężczyzna	5	4	3	4	4	1	4	5	2	2	1	5	4	1	1	4	3	4	4	3	2	4	2	4	3	3	4	4	4	4		
2	22	Mężczyzna	1	3	1	1	2	4	2	4	5	1	2	5	3	2	2	1	5	1	4	2	4	4	4	4	1	2	2	2	4	5		
3	32	Mężczyzna	3	4	4	1	5	2	2	2	1	2	1	2	3	3	3	2	3	3	2	1	4	2	4	5	3	4	5	3	3	4		
4	25	Mężczyzna	4	3	2	2	3	2	3	3	2	1	1	4	5	3	2	3	1	4	3	2	1	3	4	4	4	2	5	4	2	3		
5	-	Mężczyzna	2	4	3	4	3	4	3	4	1	1	5	5	3	3	2	4	1	4	4	4	3	4	3	4	3	2	2	1	3	3		
6	-	Mężczyzna	2	4	3	4	3	4	3	4	1	1	5	5	3	3	2	4	1	4	4	4	3	4	3	4	3	2	2	1	3	3		
7	26	Mężczyzna	3	4	3	1	2	2	4	4	1	2	1	4	4	2	5	3	2	2	2	2	3	3	4	2	3	2	4	4	3	5		
8	31	Mężczyzna	3	5	2	4	1	4	1	5	1	2	4	3	2	4	1	4	1	4	4	5	3	5	4	3	4	2	4	2	5	5		
9	24	Mężczyzna	3	5	4	4	4	3	3	5	2	3	2	4	3	3	4	4	2	3	2	2	4	4	2	3	1	4	4	2	2	4		
10	25	Mężczyzna	2	5	2	4	4	3	1	5	1	1	2	4	2	2	4	4	3	5	5	3	3	3	2	4	2	2	3	1	2	4		
11	30	Mężczyzna	3	4	3	4	5	3	4	4	2	3	4	4	3	2	3	4	2	3	3	4	3	1	2	2	2	2	5	3	4	5		
12	24	Mężczyzna	3	4	1	2	5	2	4	3	1	1	2	2	4	2	2	2	1	4	3	3	2	2	1	1	2	2	5	5	2	3		
13	23	Kobieta	3	4	1	4	3	4	3	5	1	2	4	5	2	2	2	5	2	5	3	3	2	4	2	2	2	3	2	4	2	4	4	
14	22	Mężczyzna	4	5	3	5	5	4	4	5	2	3	5	5	4	4	5	5	3	5	4	5	2	3	5	5	5	3	4	2	5	5		
15	23	Mężczyzna	5	4	4	5	3	3	3	5	2	2	5	4	4	4	1	4	2	5	5	4	5	5	1	4	4	2	2	2	4	5		
16	22	Mężczyzna	1	4	1	2	1	2	4	5	1	1	2	3	1	2	2	3	1	2	3	4	5	2	3	1	2	3	4	1	1	2		
17	22	Mężczyzna	2	4	2	3	4	3	4	5	3	2	4	4	3	3	2	4	-	5	3	2	2	2	3	4	3	2	3	2	4	5		
18	22	Mężczyzna	4	3	2	2	3	1	2	2	3	1	1	4	2	1	4	3	4	3	3	1	1	1	4	4	2	1	4	1	2	3		
19	22	Mężczyzna	1	3	1	1	3	1	3	4	1	1	2	2	1	1	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2		
20	23	Mężczyzna	2	4	2	4	3	4	2	4	1	2	5	4	1	3	2	4	1	5	2	4	1	3	1	2	2	2	1	1	3	3		
21	22	Kobieta	3	3		3	5	3	2	4	1	2	3	5	3	4	4	5	3	5	5	4	4	5	5	4	4	3	4	2	2	4		
22	23	Kobieta	2	4	2	4	5	1	4	4	2	2	2	1	4	2	1	4	4	2	1	3	4	2	2	2	1	2	1	3	4	2	4	
23	21	Mężczyzna	2	4	4	5	4	4	5	5	4	4	5	5	3	3	3	5	3	5	3	4	5	5	2	2	2	2	3	2	2	4	5	
24	28	Mężczyzna	5	5	2	2	5	1	4	5	1	2	2	3	1	1	1	2	2	2	1	4	1	1	1	1	1	1	5	5	5	3		
25	28	Mężczyzna	3	5	3	4	3	3	4	5	1	2	1	4	3	3	2	4	2	5	3	4	3	4	2	2	2	3	3	4	3	4	5	
26	14	Kobieta	5	5	4	3	5	3	5	5	4	4	4	5	3	2	5	4	3	2	3	2	1	5	5	4	2	5	4	5	2	5		
27	23	Mężczyzna	3	4	4	3	3	2	4	3	2	3	1	2	3	2	4	3	2	3	3	2	2	2	3	3	3	2	3	4	3	4		
28	27	Kobieta	2	2	1	2	2	2	2	3	1	1	3	3	1	1	2	3	1	3	2	2	1	3	2	2	3	2	3	1	4	1	2	3
29	26	Kobieta	1	4	1	2	3	3	3	5	1	2	2	5	2	3	4	4	3	5	1	4	4	5	3	4	2	2	4	3	3	5		
30	23	Kobieta	2	1	4	1	1	2	2	2	5	5	2	2	5	2	5	2	4	3	4	3	5	2	4	5	2	5	4	2	2	4		
31	24	Kobieta	3	5	3	5	5	1	1	3	1	2	3	5	4	2	2	2	2	5	2	4	5	2	3	2	5	2	3	2	3	2		
32	25	Mężczyzna	2	4	2	4	2	4	5	5	1	1	2	3	2	2	3	3	1	3	3	4	1	4	2	4	1	3	4	4	4	5		
33	24	Kobieta	2	4	4	4	5	2	2	3	2	2	4	3	5	2	3	2	2	2	2	2	1	2	5	2	2	2	4	2	3	2		
34	24	Kobieta	5	5	4	5	5	5	4	5	4	5	5	5	5	5	4	5	4	5	4	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5		
35	23	Kobieta	4	3	1	2	1	1	1	3	1	1	3	4	2	3	1	1	1	3	4	4	2	3	2	5	2	2	3	2	4	4		
36	23	Kobieta	2	4	3	4	4	4	3	4	3	3	5	5	3	3	3	4	3	4	4	4	3	3	2	2	2	2	4	1	4	3		
37	23	Kobieta	4	5	1	1	5	1	3	3	1	1	2	5	1	4	1	1	2	1	3	1	1	1	1	3	4	3	1	4	5	4	4	
38	22	Mężczyzna	3	4	3	3	4	3	5	5	2	4	4	5	4	5	5	5	5	5	5	5	4	5	4	5	4	4	5	5	4	5		
39	24	Mężczyzna	3	4	4	4	2	2	2	4	3	4	4	4	4	4	5	4	4	4	3	2	2	3	5	4	4	4	4	2	2	1		
40	24	Kobieta	4	5	3	5	5	4	3	5	2	4	5	5	3	5	5	5	4	5	4	5	5	5	4	5	4	4	5	5	5	5		
41	24	Kobieta	4	4	3	5	3	2	1	2	2	1	5	5	3	3	2	2	2	4	3	2	1	1	1	2	1	1	2	1	1	3		
42	29	Kobieta	2	3	2	3	4	3	3	4	3	3	-	4	4	3	4	4	4	5	4	3	3	4	4	3	3	2	5	4	3	4		
43	22	Mężczyzna	4	3	2	3	2	3	1	3	1	3	3	3	2	1	1	2	1	4	3	3	2	3	1	2	2	2	3	2	3	3		
44	28	Kobieta	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5		
45	25	Mężczyzna	3	5	3	5	4	5	3	5	2	3	4	4	5	4	4	3	2	4	5	5	5	5	4	4	4	5	4	-	5	4		
46	24	Mężczyzna	3	5	1	4	2	2	3	4	1	3	5	4	2	3	5	5	4	5	3	4	5	4	1	2	2	4	2	1	2	4		
47	27	Mężczyzna	1	4	1	2	5	5	4	1	5	2	3	2	3	5	2	3	5	3	5	3	3	3	1	1	5	5	5	4	2	2		
48	30	Mężczyzna	2	4	2	4	4	4	3	5	1	2	5	4	2	4	2	4	2	4	4	5	5	4	3	2	3	3	4	2	4	4		

51	23	Mężczyzna	4	4	5	2	3	1	5	3	3	4	1	2	4	2	5	3	3	1	4	2	3	3	3	3	2	2	3	3	1	4	
52	34	Mężczyzna	3	5	5	4	4	4	3	3	4	3	4	3	4	3	4	4	4	4	3	3	4	3	3	3	3	3	4	3	4	3	
53	23	Kobieta	2	4	5	4	5	3	4	4	1	2	2	4	3	1	1	1	1	2	2	1	3	4	2	3	2	2	3	2	2	4	
54	25	Kobieta	3	5	2	3	4	3	3	5	3	1	4	5	2	3	3	2	2	5	1	3	2	5	4	3	2	1	5	2	3	5	
55	35	Kobieta	5	4	3	3	5	3	3	4	3	3	4	5	4	3	5	4	3	4	4	3	4	4	3	5	3	4	5	5	5	5	
56	31	Mężczyzna	3	4	2	2	2	2	3	4	1	1	1	1	4	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	3	1	2	2	
57	21	Kobieta	5	4	3	2	4	2	5	2	4	3	3	2	4	5	4	3	4	2	3	2	4	2	3	4	4	3	4	2	3	4	
58	24	Mężczyzna	4	3	1	2	3	3	4	4	3	2	1	3	4	1	1	2	2	3	3	3	4	3	4	4	4	2	3	4	2	2	5
59	22	Kobieta	5	4	1	4	2	3	4	5	2	3	5	5	3	2	4	2	1	5	4	5	2	4	2	3	4	4	2	4	2	4	3
60	22	Mężczyzna	3	5	4	3	4	3	3	4	2	3	5	4	5	3	4	5	2	5	4	4	3	3	4	4	4	3	2	2	3	3	
61	25	Kobieta	3	5	2	4	5	5	2	4	2	5	2	1	1	4	5	3	2	3	4	3	5	4	3	2	2	2	2	3	3	3	
62	25	Mężczyzna	3	4	2	2	4	2	3	4	1	2	2	4	2	2	2	-	2	3	3	2	2	2	2	2	3	2	3	2	2	2	
63	22	Mężczyzna	4	5	2	3	3	5	4	5	1	3	3	4	4	3	3	5	5	5	5	5	4	5	4	5	5	3	3	3	3	5	
64	23	Mężczyzna	4	4	2	4	2	3	3	4	2	2	4	5	3	3	3	4	2	5	5	4	4	4	3	4	4	3	4	3	4	5	
65	23	Mężczyzna	3	4	2	5	2	3	2	4	2	3	5	4	3	4	3	4	3	4	4	5	4	4	3	4	4	5	4	3	4	3	
66	-	Kobieta	3	3	2	2	2	1	2	3	2	2	3	3	3	2	4	3	2	2	2	2	2	3	2	3	3	2	3	2	2	3	
67	24	Mężczyzna	5	5	2	4	3	3	3	4	1	2	3	3	2	2	2	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	3	3	4	
68	23	Mężczyzna	4	5	2	5	4	4	5	5	2	2	3	3	4	4	1	3	1	4	5	3	2	4	4	3	3	2	4	2	4	4	
69	23	Mężczyzna	4	5	3	2	4	3	4	5	2	1	2	4	4	3	4	3	3	2	2	1	4	3	2	4	2	3	3	3	1	4	
70	22	Mężczyzna	2	4	1	3	1	3	1	3	1	1	5	4	1	1	1	2	1	5	2	3	2	3	1	4	2	2	1	1	3	5	
71	23	Kobieta	4	5	2	5	3	5	3	5	2	3	5	5	4	4	4	5	3	5	4	5	5	5	-	5	5	5	4	3	5	5	
72	22	Mężczyzna	3	3	4	3	2	3	1	3	1	3	1	1	3	2	2	2	1	1	2	2	3	2	1	1	1	1	1	1	1	3	
73	18	Mężczyzna	5	5	4	2	2	1	5	5	3	4	5	5	5	3	3	5	1	5	5	2	2	5	1	4	4	3	5	1	4	5	
74	24	Mężczyzna	3	4	4	4	5	5	2	4	2	3	5	5	4	4	4	5	3	5	1	3	3	5	5	5	4	5	4	4	4	5	
75	23	Mężczyzna	3	3	5	3	4	3	3	3	3	4	2	2	2	2	3	3	3	3	3	5	5	3	4	4	4	3	4	2	2	2	
76	23	Mężczyzna	2	3	4	3	3	2	5	3	1	1	4	2	5	2	4	2	1	2	4	2	4	2	1	2	2	2	5	1	3	2	
77	22	Mężczyzna	2	3	3	4	3	4	2	3	1	3	4	4	3	3	2	3	2	4	3	3	4	4	5	5	4	4	5	2	3	3	
78	25	Mężczyzna	3	4	2	3	4	3	3	4	1	2	4	4	4	3	3	4	3	4	3	3	2	4	1	3	3	3	5	2	3	5	
79	23	Mężczyzna	1	5	2	5	3	5	4	5	1	1	5	5	3	4	1	5	2	5	1	5	3	5	3	2	5	1	5	3	5	5	
80	34	Mężczyzna	2	4	2	4	5	5	2	4	1	3	5	4	1	3	2	4	1	5	3	5	5	3	3	2	2	3	4	3	5	4	
81	27	Kobieta	3	5	4	5	5	5	5	5	2	3	5	5	4	4	3	4	3	5	5	5	5	4	5	3	3	3	5	4	5	5	
82	22	Mężczyzna	3	5	4	3	4	3	3	4	2	3	5	4	5	3	4	5	2	5	4	4	3	3	4	4	4	3	2	2	3	3	
83	22	Mężczyzna	3	5	3	1	2	1	1	1	1	1	1	2	2	3	2	2	3	1	3	4	5	3	3	4	3	5	2	4	4	4	
84	22	Mężczyzna	3	5	3	4	5	4	4	5	5	3	4	5	5	4	3	4	3	4	3	4	4	4	3	3	3	3	4	3	4	4	
85	26	Kobieta	2	4	3	4	3	4	3	4	3	3	4	5	4	2	3	3	3	3	3	2	2	4	4	2	5	2	-	2	4	5	
86	34	Kobieta	3	2	2	3	4	2	-	3	1	3	5	3	3	3	3	4	2	3	4	2	4	3	3	5	3	4	-	-	3	-	
87	22	Mężczyzna	4	5	3	4	3	4	2	5	1	2	4	3	2	2	2	4	3	5	3	4	2	3	1	2	2	2	3	2	4	3	
88	41	Kobieta	4	4	5	4	5	3	3	3	3	3	5	5	5	4	5	4	3	4	5	4	5	3	3	3	3	3	4	4	5	5	
89	26	Mężczyzna	3	4	1	2	5	3	5	2	1	2	1	4	1	1	5	2	1	1	1	1	3	4	3	1	1	3	1	1	1	1	
90	22	Kobieta	1	5	1	5	3	3	4	5	2	1	1	3	4	2	3	2	2	3	2	2	2	2	4	2	3	2	4	4	2	2	
91	22	Mężczyzna	3	5	5	3	5	3	4	3	1	5	2	2	4	2	5	3	4	3	2	2	4	2	1	3	3	2	3	4	2	3	
92	23	Mężczyzna	3	4	2	1	4	1	4	2	4	4	1	1	4	2	2	1	3	1	2	2	1	1	2	4	4	1	3	4	1	4	
93	23	Mężczyzna	4	3	4	2	3	2	3	3	4	2	4	4	4	5	3	2	2	2	3	2	2	2	2	3	3	3	1	2	1	2	
94	21	Mężczyzna	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	
95	23	Mężczyzna	2	4	1	3	1	3	2	4	1	3	4	3	4	3	3	2	1	2	3	3	5	4	1	3	2	3	2	-	-	4	
96	31	Mężczyzna	4	2	5	3	5	2	2	2	2	4	2	2	5	2	2	2	2	2	2	1	3	1	1	4	1	1	1	1	1	1	
97	22	Kobieta	2	5	2	5	4	4	5	5	3	3	5	5	3	5	2	5	4	2	5	4	3	4	4	3	4	3	5	3	4	4	
98	22	Mężczyzna	4	5	5	3	3	3	3	3	2	4	3	4	5	5	5	5	2	3	1	3	5	5	2	3	2	2	2	1	2	4	
99	23	Mężczyzna	3	4	3	3	4	4	4	3	2	3	3	4	4	3	3	4	3	3	2	3	2	4	3	4	4	3	2	4	3	3	
100	36	Mężczyzna	5	5	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	-	5	4	4	5	-	4	-	-	-	-	-	

## 1.2.2. Ocena estetyczna

Lp.	Symetria	Spójność	Naturalny kształt	Ciągłość	Krawędzie	Interesujący kształt	Kształt	Efekt ruchu	Efekt trójwymiarowości
1	2	1	4	2	5	5	4	2	4
2	3	5	4	3	3	4	5	1	2
3	2	3	1	3	2	3	2	3	5
4	2	2	4	1	4	4	2	4	1
5	3	4	4	4	2	4	3	4	4
6	3	4	4	4	2	4	3	4	4
7	5	4	2	2	4	2	5	5	4
8	4	3	4	4	3	4	2	2	3
9	2	2	4	1	5	2	5	4	2
10	3	3	4	4	3	5	5	5	3
11	4	4	5	2	3	5	4	4	1
12	3	4	2	3	4	5	4	3	4
13	4	4	4	3	3	5	3	1	3
14	1	5	5	1	5	3	5	5	5
15	2	4	5	3	1	5	3	1	2
16	3	3	2	2	4	5	4	4	5
17	4	4	5	3	5	3	4	5	5
18	3	2	2	2	4	4	3	3	3
19	4	3	4	2	4	5	3	5	4
20	5	3	3	4	1	5	2	3	3
21	1	3	4	2	3	5	3	4	3
22	1	4	5	2	4	2	2	5	2
23	4	4	2	4	4	4	4	4	4
24	5	3	4	2	4	5	3	3	3
25	5	2	3	1	5	5	3	5	4
26	2	3	3	3	4	4	3	4	1
27	4	4	2	2	4	2	4	3	4
28	2	3	4	2	4	4	3	3	5
29	5	2	3	1	4	5	4	4	3
30	1	3	1	5	5	2	5	5	5
31	5	3	3	2	5	3	3	5	4
32	2	4	4	3	5	4	5	4	5
33	5	5	5	4	4	1	5	4	3
34	2	4	5	4	4	4	4	4	4
35	2	4	5	3	2	5	2	3	4
36	4	4	4	3	3	4	3	2	3
37	5	4	1	1	1	1	3	5	3
38	3	1	1	5	1	5	1	5	5
39	2	4	3	4	4	2	2	5	4
40	3	3	5	2	4	5	2	2	4
41	3	2	3	3	3	4	3	3	3
42	4	4	4	3	3	5	3	3	4
43	1	2	3	3	3	4	3	3	4
44	3	3	3	3	3	3	3	3	3
45	5	5	5	3	4	5	5	3	5
46	4	4	1	3	5	5	5	1	5
47	5	5	4	5	4	1	4	5	5
48	2	2	4	4	3	4	4	4	3
49	1	2	2	2	4	4	4	5	4
50	1	3	4	3	3	5	3	5	3

Lp.	Symetria	Spójność	Naturalny kształt	Ciągłość	Krawędzie	Interesujący kształt	Kształt	Efekt ruchu	Efekt trójwymiarowości
51	1	3	3	1	3	5	3	5	4
52	3	3	3	2	4	1	2	4	4
53	3	4	5	2	5	4	5	3	3
54	3	4	4	1	4	5	4	4	4
55	1	1	4	5	3	5	3	5	4
56	1	1	3	1	5	4	3	4	4
57	2	1	4	3	4	-	4	4	4
58	4	3	4	3	3	1	4	4	2
59	5	4	5	2	3	5	2	3	4
60	4	4	3	3	3	4	2	3	5
61	4	3	4	3	3	4	2	3	3
62	3	3	5	3	3	4	3	3	4
63	3	2	5	1	3	3	4	1	3
64	5	5	5	1	3	5	5	3	5
65	3	4	5	5	5	4	4	4	5
66	3	4	4	4	3	3	3	4	4
67	1	3	4	3	5	5	5	3	3
68	4	2	4	2	5	4	5	2	3
69	1	3	4	1	5	5	2	5	3
70	2	2	4	2	2	5	4	2	3
71	3	3	3	3	3	5	1	3	3
72	3	4	3	2	3	4	1	4	4
73	4	3	5	2	5	5	2	1	5
74	5	5	5	4	4	4	2	4	4
75	5	4	5	3	5	3	4	4	4
76	3	5	4	5	3	5	3	4	4
77	4	4	5	3	4	1	4	5	5
78	3	4	2	3	3	5	4	3	3
79	4	3	3	2	3	5	5	1	5
80	5	4	4	2	2	5	2	1	3
81	3	3	3	3	3	3	3	3	3
82	4	4	3	3	3	4	2	3	5
83	2	5	5	4	5	5	4	5	5
84	2	4	4	3	4	3	3	4	5
85	4	4	4	3	3	4	3	3	4
86	1	1	3	1	1	5	1	4	1
87	2	3	4	2	1	5	2	3	3
88	1	3	3	4	3	5	2	5	2
89	3	3	4	3	4	4	4	5	4
90	2	3	4	3	4	3	2	2	3
91	3	2	3	2	5	4	5	5	5
92	5	5	5	-	4	5	1	5	5
93	2	3	3	3	4	4	4	3	4
94	5	5	5	5	5	5	5	5	5
95	4	4	5	3	5	5	4	3	5
96	1	3	3	1	3	1	2	1	1
97	4	4	4	2	3	5	5	2	4
98	4	2	4	4	3	5	4	5	2
99	2	2	5	2	3	4	4	4	4
100	-	-	-	-	-	-	-	-	-

## 2. Spis parametrów przedstawionych fraktali

Poniżej znajduje się kompletna lista parametrów, przy pomocy których zostały wygenerowane osobniki stanowiące wyniki badań.

### 2.1. Osobniki IFS

Wymienione poniżej osobniki zostały wygenerowane na podstawie wzoru IFS (1):

$$\begin{aligned} x_{(n+1)} &= ax_n + by_n + e \\ y_{(n+1)} &= cx_n + dy_n + f \end{aligned} \quad (1)$$

Litera **p** w spisie oznacza prawdopodobieństwo wyboru zestawu przekształceń. Suma kolumny prawdopodobieństwa nie musi dawać równej wartości 1, ponieważ do narzędzia badającego nie wprowadzono funkcji naprawczej równającej wszystkie wartości do sumy 100%. Przekroczenie tej wartości jest jednak sporadyczne i nie wpływa znacząco na kształt fraktala, ponieważ algorytm działa na liczbach całkowitych (1 – 100%), a możliwe błędy pojawiają się dopiero w wartościach dziesiętnych oraz setnych. Często wartość sumy jest niższa od 1.

Liczba iteracji jest równa 2 000 000.

#### 2.1.1. Osobniki nisko ocenionej populacji początkowej

Krzyżowanie wymieniające, mutacja binarna.

lp	a	b	c	d	e	f	p
1	0,38	-0,1	0,0	0,4	0,0	-0,52	0,14,
	-0,29	-0,1	0,1	-0,54	0,0	0,03	0,14,
	0,02	0,14	0,28	0,18	0,03	0,1	0,14,
	-0,35	0,1	0,0	0,26	0,1	-0,01	0,14,
	0,3	-0,01	0,0	-0,5	-0,3	-0,07	0,14,
	-0,27	0,05	-0,1	-0,05	-0,2	-0,2	0,14,
	0,1	-0,48	0,62	0,03	0,18	-0,42	0,14
2	0,06	0,0	0,1	0,4	-0,1	0,1	0,14,
	0,03	0,1	-0,1	0,5	0,06	0,38	0,14,
	-0,02	0,12	0,7	0,2	0,13	-0,01	0,14,
	0,55	0,4	0,0	0,1	0,3	-0,01	0,14,
	0,2	0,36	-0,63	0,48	0,2	0,09	0,14,
	0,11	0,06	0,0	0,13	0,0	0,12	0,14,
	0,33	-0,03	0,47	0,5	-0,23	0,4	0,14

Krzyżowanie uśredniające, mutacja binarna.

lp	a	b	c	d	e	f	p
1	-0,01	-0,0949797	0,1	0,55	0,0	0,010304159	0,25,
	-0,01	0,0015462614	0,03024983	-0,1866681	0,0	-0,2	0,25,
	0,0	0,54	-0,405806	-0,22	-0,1	0,0	0,25,
	0,0049654	-0,58	0,54	-0,4	0,1	0,001759	0,25

2	0,001129219 -0,04003439 0,0 0,03 0,63 -0,03 0,38	-0,01648718 0,0 0,1286831 -0,005544811 0,0 0,0 -0,00357	0,1 -0,0011165 0,602861 -0,06999256 -0,01 -0,1 0,1	0,35503083 -0,13577525 0,273615 0,2285928 -0,55 -0,15 0,498171	-0,014895915 -0,04961 -0,14429498 -0,00156163 -0,1 -0,2 0,1	-0,04098636 -0,0094314 0,04155454 0,14609878 0,0046251 0,0 -0,1257965	0,14, 0,14942273, 0,15347078, 0,14, 0,14, 0,14, 0,14
---	--	---	--	--	---	---	--

## Krzyżowanie wymieniające, mutacja dziesiętna.

lp	a	b	c	d	e	f	p
1	-0,82094884 -0,56829935 0,42 0,7186408	0,0 0,0 -0,14514503 0,42	0,0 0,0 0,7188258 -0,42	0,5248031 -0,55901337 0,42 0,42	0,12649949 -0,21883135 -0,051080808 -0,67234653	-0,29626107 0,46411 0,3815337 -0,25940588	0,25, 0,25, 0,25, 0,25
2	0,50453264 -0,75122607 0,03 0,07866739 0,56 0,19 -0,40248877	-0,2928989 -0,34488428 0,29 0,72918797 -0,0067351013 0,07 -0,44299898	-0,12134921 0,0 -0,30935735 -0,53098047 0,2646499 -0,08796529 0,017307281	0,4 -0,4653763 0,26 0,2502612 0,39187986 0,7383592 0,43960503	-0,1821764 -0,3198449 0,3669797 -0,33952284 0,26206738 -0,32774937 -0,54	-0,21815816 -0,47 -0,01 -0,01 0,032162115 0,548458 0,05456707	0,25, 0,25, 0,14, 0,25, 0,14, 0,14, 0,14

## Krzyżowanie uśredniające, mutacja dziesiętna.

lp	a	b	c	d	e	f	p
1	0,7163745 -0,2545656 0,33681545 -0,03 0,1931321 0,19 -0,23027045	0,0 -0,23102401 0,2564547 -0,20402354 0,48670444 0,07 -0,4546362	-0,71874446 0,57980734 0,0 -0,45965844 0,45027602 -0,1 -0,37266192	0,50554115 -0,010297179 0,26 0,29656327 0,48082072 0,15 0,022204757	-0,50607604 -0,065513596 -0,16 -0,1226549 0,3 0,015297174 -0,54	-0,18586135 -0,5240007 0,22477302 0,9056244 -0,020878315 0,23942664 0,39	0,14, 0,14, 0,22305745, 0,14, 0,14, 0,14, 0,14
2	0,48651353 -0,01 0,33570763 0,1659293	0,4739436 0,5411673 -0,41998786 0,27077964	0,09162441 0,5659153 0,30111045 -0,42509943	0,4905556 -0,6048715 0,42 0,26259866	0,012128521 0,0 -0,043103695 -0,14024481	0,8283605 -0,50562835 -0,097056314 0,11944682	0,16213658, 0,25, 0,25, 0,21442321
3	0,48651353 -0,014121122 0,5392697 0,1659293	0,4739436 0,5299395 -0,41998786 0,68012476	0,2569041 0,0 0,42 -0,44345456	0,45 -0,6048715 0,42 0,26259866	0,4794217 0,0 0,0 1,0647751	0,061501533 -0,50562835 -0,3253424 0,095333286	0,23090318, 0,20255893, 0,25, 0,20891346
4	0,5677543 -0,4604818 0,28672352 -0,40515238	0,03159682 0,034660548 -0,3154327 0,7327388	0,0 0,0 0,42 -0,30211908	0,45 -0,6048715 0,42 0,26259866	0,3783028 -0,009965356 -0,11208233 0,0	0,14402792 -0,5013898 0,186643 0,14378539	0,25, 0,17226733, 0,25, 0,17199937
5	0,84805846 0,17 -0,17 0,14216018	0,0 -0,091412455 0,15100408 0,119761996	0,0 0,4050549 0,61153096 -0,23604938	0,601339 -0,118655175 -0,03590496 0,49899447	0,0 0,1194036 0,48320198 1,0232955	0,38108167 0,12754174 0,0 -0,1744818	0,25, 0,25, 0,24087149, 0,23852105
6	0,33 0,06526975 -0,15573364 0,2806002	-0,030124608 -0,39634928 0,49867526 0,043325365	-0,19808105 0,29 0,40869707 -0,13980535	0,33451843 0,0044546574 0,18250687 0,39965367	0,0076827705 0,16547137 0,67 0,5865919	0,38108167 0,0 0,37459275 -0,017088233	0,23136997, 0,19843596, 0,23142259, 0,24103718
7	0,33 0,06526975 -0,15573364 0,3815117	-0,030124608 -0,39634928 0,5022409 0,043325365	-0,26149365 0,29 0,58771026 -0,40244037	0,33451843 -0,20544827 0,18250687 0,5816231	-0,056988172 0,16547137 0,67 0,5865919	-0,03207442 0,35659263 0,37459275 -0,038426697	0,24123076, 0,19843596, 0,2355116, 0,24103718

## 2.1.2. Osobniki wysoko ocenionej populacji początkowej

lp	a	b	c	d	e	f	p
1	0,39244747, -0,5,	0,48719856, 0,5,	-0,17299652, -0,5,	0,53038585, -0,5837407,	-0,029758781, 0,18820676,	-0,15595262, -0,629588,	0,5, 0,5
2	0,1611, -0,7870884, 0,97457105, 0,4046694,	0,033, 0,49553165, -0,012963474, 0,33773082,	-0,016606025, -0,47570896, -0,02940692, -0,8388588,	0,3864381, -0,8471664, -0,01974991, -0,6248106,	0,15303467, 0,11191513, -0,29011577, 0,49,	0,3468507, 0,19237989, 0,7885114, 0,026941597,	0,040833734, 0,5462947, 0,333, 0,07
3	0,42900383, 0,53999025, 0,38, -0,12122677, 0,15888263,	-0,15605089, 0,022017471, -0,037835054, -0,23265035, -0,16440019,	0,26734164, -0,29382172, 0,21942592, 0,7056698, -0,0031871349,	0,24537152, 0,36572874, 0,18905339, -0,17980686, 0,38,	0,17132145, -0,17674498, 0,41130903, -0,14122358, -0,15013683,	0,16384938, 0,0991938, -0,052154124, 0,15560567, -0,3,	0,2, 0,2, 0,2621268, 0,2, 0,2
4	0,5215039, 0,38, 0,38, -0,3047132, -0,25876743,	0,0, 0,30984962, -0,040864702, 0,014956854, -0,040439323,	0,87359285, -0,7421082, 0,0, 0,916021, 0,0,	0,18941979, 0,3638848, 0,34323856, 0,2746352, 0,38,	0,5110439, -1,0121969, -0,34343275, 0,13567755, -0,0022840686,	0,5630111, 0,32142413, -0,02, 0,15229894, -0,6377901,	0,2, 0,2621317, 0,2, 0,2, 0,2
5	0,16690472, 0,90689665, -0,442, -0,164,	0,2710201, 0,20659268, -0,21564446, -0,75051266,	-0,30244058, -0,348, 0,223, 0,4609337,	0,16, -0,943, 0,216, 1,123049,	0,2079972, 0,39560685, -0,038, -0,23461542,	-0,6155031, 1,6, 1,851264, 0,16934253,	0,0100628305, 0,85, 0,07, 0,07
6	-0,163, -0,85, 0,30652028, 0,8222122,	0,04796773, 0,35212576, 0,032465935, -0,3153843,	0,14590108, -0,5272813, 0,18299171, 0,5184529,	0,06796576, -0,87141776, 0,45626807, 0,36711806,	0,027693622, -0,056492895, 0,08511403, 0,5718246,	-1,8258406, 1,081919, 0,9347209, 0,465,	0,03701444, 0,85, 0,117761366, 0,076927595
7	0,6235894, -0,78512347, 0,081, -0,19152713,	0,011282299, 0,3737191, 0,036, -0,62202954,	0,1061172, -0,473, 0,25007033, -0,07653337,	0,7512217, -0,933, -0,48441982, -0,131,	-0,525848, -0,04, -1,5123589, 0,6081689,	-0,20764399, 1,0055351, 1,0626129, 0,465,	0,01, 0,85, 0,10524694, 0,07
8	-0,163, -0,7864846, 0,2697048, 0,49306756,	-0,10881375, 0,37831196, 0,03532705, -0,10162546,	0,06936929, -0,58500063, 0,9972568, 0,46721804,	0,5343925, -0,9285535, 0,022, -0,131,	0,57516694, 0,17015046, 0,6988417, 0,17008545,	-0,99833405, 1,2212857, 1,0723103, 0,4289149,	0,061044276, 0,85, 0,10392219, 0,09729453
9	0,6963879, 0,8707658, -0,59702885, 0,50311375,	0,0, 0,32, -0,23235153, 0,0831401,	-0,012404421, -0,5389439, 0,22, 0,7411872,	1,0497923, 0,7564852, 0,24839067, 0,25,	-0,3902612, -0,17590468, 0,0, 1,390123,	0,050897647, 1,4450793, 1,16892, 0,4081087,	0,01, 0,8105942, 0,07, 0,07
10	0,28574458, -0,74669284, -0,442, 0,105837464,	9,024365E-4, 0,38005757, -0,234, -0,053789116,	-0,7269609, -0,62456006, 0,223, -0,02126041,	0,27207083, -0,943, 0,216, 0,24660504,	0,24921024, -0,02, -0,038, 0,506,	-0,34511432, -1,5337102, 1,683015, 0,385,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07003942
11	0,28574458, -0,74669284, -0,442, 0,105837464,	9,024365E-4, 0,38005757, -0,234, -0,032,	-0,7269609, -0,62456006, 0,223, -0,02126041,	0,27207083, -0,943, 0,216, 0,24660504,	0,24921024, -0,02, -0,8965332, 0,506,	0,3678106, -0,1967306, 1,683015, 0,385,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07003942
12	0,824, 0,15913135,	0,2308153, -0,9460641,	-0,19043267, -0,07553947,	0,864, -0,44986674,	-0,71315575, -0,42834622,	-3,2225108, 8,096,	0,8, 0,2
13	0,824, 0,0024490356,	0,21434444, 0,644084,	-0,16242898, -0,464,	0,864, -0,51584584,	-0,3204049, -0,16134849,	-0,42848217, 8,096,	0,8, 0,2
14	0,37570864, -0,4382208, 0,46421778, 1,15745,	-0,0686764, 0,8351623, -0,2684837, -0,33037087,	0,08157641, -0,6807505, -0,19033268, 0,7859137,	0,36734718, -0,95969546, 0,3549003, 0,33984026,	0,09096322, -0,015590772, 0,3113757, -0,09014262,	0,2078397, -0,38169903, 0,17841822, 0,065363735,	0,01, 0,85, 0,33211756, 0,19929206
15	0,35590303, -0,7632, 0,3024307, 0,50433207,	-0,0686764, 0,40223375, -0,26436535, 0,117073774,	0,51329386, -0,6807505, -0,19033268, 0,7859137,	0,36734718, -0,95969546, 0,3549003, 0,33984026,	0,08825052, -0,015590772, 0,3113757, -0,09014262,	0,2078397, -1,0902263, 0,17841822, 0,401,	0,01, 0,85, 0,333, 0,19929206
16	-0,163, -0,810713, 0,04162556, 0,5322351,	0,041809537, 0,30432364, -0,07512395, -0,008966032,	-0,04656927, -0,47126946, 0,69830465, -0,6453362,	0,145, -0,933, 0,022, -0,131,	-0,28289092, -0,017673492, 0,04008787, -0,9174415,	-0,3358361, 2,3537533, 1,7132137, 0,465,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07528396
17	-0,163, -0,810713, 0,081, 0,58343947,	0,041809537, 0,30432364, -0,07512395, -0,008966032,	-0,04656927, -0,47126946, 0,23312864, 0,12725337,	0,145, -0,933, 0,022, -0,131,	-0,28289092, 0,44194403, -0,62458974, -0,4232211,	-0,24715728, 2,2051368, 1,7132137, 0,465,	0,119523376, 0,85, 0,07, 0,07528396
18	0,05504012, -0,848, -0,18538187, -0,4039005,	-0,04045123, 0,368, -0,161, -0,6666065,	-0,9387846, -0,33667794, -0,088385284, 0,037047908,	0,46487418, -1,0224973, 0,05084838, -0,45458668,	-0,3744586, -0,037203215, -0,34499615, 0,34861335,	0,5810775, 1,1667026, 1,0764743, 0,1883508,	0,01, 0,85, 0,07020491, 0,07



19	-0,163, -0,83187795, 0,22840221, -0,6472451,	0,12407978, 0,16481937, -0,161, 0,12753598,	0,27017367, -0,34005457, -0,086, 0,46955824,	-0,36794674, -0,9710998, 0,08344267, -1,0838362,	-0,37230462, -0,04, -0,0036607683, 0,364,	-0,058, 1,2466235, 0,71475255, 0,034197982,	0,094638415, 0,85, 0,07020491, 0,07
20	-0,76548487, -0,035337985, -0,34646827,	0,2974078, -0,1554636, -0,3793733,	0,83818066, 1,0100309, -0,9845079,	0,26775104, 0,20361984, -0,005689636,	0,5202031, 0,29845342, 0,333,	0,726498, 0, 0,0,	0,333, 0,333, 0,27105904
21	0,30378255, -0,8374849, -0,2552927, 0,3299918,	-0,254551, 0,27562094, -0,16077608, 0,3809053,	-0,12034865, -0,3695835, 0,29431063, -0,12962024,	0,86178744, -0,9077363, 0,24003714, -0,28162715,	-0,0046903044, 0,412207, -0,015847337, 0,364,	-0,020636253, 1,508, 1,101, 0,16267869,	0,01, 0,85, 0,20685084, 0,07
22	0,046784922, -0,85, 0,089, -0,21579415,	0,04331457, 0,465375, -0,27930358, 0,39689732,	-0,021902667, -0,473, 0,40976262, 0,056199364,	0,8661118, -0,714406, 0,26299745, -0,3847744,	-0,59578633, 1,586505, -0,44318348, 0,364,	-0,7967699, 1,508, 1,101, 0,473,	0,01, 0,85, 0,076479256, 0,07058652
23	0,046784922, -0,85, 0,089, -0,21579415,	0,04331457, 0,465375, -0,08745156, 0,39689732,	-0,021902667, -0,473, 0,40976262, 0,19372419,	0,8661118, -0,714406, 0,26299745, -0,3847744,	-0,59578633, 0,6414771, -0,44318348, 0,364,	-0,020636253, 1,508, 1,101, 0,473,	0,01, 0,85, 0,076479256, 0,07058652
24	0,046784922, -0,85, 0,089, -0,26497746,	0,04331457, 0,465375, -0,08745156, 0,39689732,	-0,021902667, -0,16877991, 0,40976262, 0,056199364,	0,8661118, -0,714406, 0,26299745, -0,3847744,	-0,59578633, 2,9978004, -0,44318348, 0,364,	-0,020636253, 2,218414, 1,101, 0,473,	0,01, 0,85, 0,076479256, 0,07058652
25	0,04677167, -0,85, 0,089, -0,21579415,	0,04331457, 0,7093294, -0,050437927, -0,22178599,	-0,021902667, -0,473, 0,40976262, 0,056199364,	0,18107414, -0,714406, 0,26299745, -0,25458473,	-0,59578633, 1,0830718, 0,024288718, 0,364,	0,9155538, 1,508, 1,0756006, 0,473,	0,043515943, 0,85, 0,076479256, 0,0704987
26	0,24846798, -0,75777704, 0,38, 0,2488595, 0,60913384,	0,047829486, -0,15350547, -0,062488057, 0,450477, -0,15365545,	-0,5088595, 0,35940534, 0,10891251, 0,11454204, -0,34123707,	0,38, 0,3338496, -0,3005856, 0,40759617, 0,38,	0,12689728, -0,67782754, 0,62566024, 0,16812804, -0,19176999,	0,13561751, -0,02, 0,2643498, -0,196947, 0,1408191,	0,2, 0,48501936, 0,08381974, 0,08444409, 0,2
27	0,8137953, -0,670412, -0,05289653, 0,7948649,	0,3698799, 0,3059185, -0,15324883, -0,0032917173,	-0,35335642, -0,299401, 0,40562478, 0,3096638,	0,14502105, -0,99107516, 0,236, 0,48472896,	-0,8637097, -0,12186632, -1,5340308, 0,90340257,	0,016269676, 2,113347, 0,63837457, 0,21135952,	0,01, 0,85, 0,2460132, 0,076180965
28	-0,59028316, -0,848, 0,104129486, -0,015949965,	0,0072823945, 0,3422576, -0,26053345, -0,9643339,	0,110622555, -0,373, 0,26508504, -0,73801273,	0,75637704, -0,7920109, 0,044247583, -0,08693284,	0,14583454, 0,18635848, 0,0050609075, -0,1370494,	0,016, 1,252, 1,3183644, 0,25637713,	0,01, 0,85, 0,17058049, 0,07
29	0,8370259, 0,5, 0,5554735,	0,0, -0,423374, -0,5312363,	0,0, 0,0, 0,0,	0,5, -0,997, -0,008227348,	-0,009533156, 0,7580311, 0,5,	0,21133661, 1,1985539, 1,129,	0,333, 0,333, 0,333
30	0,333, 0,7908142, -0,3055985, 0,333,	-0,26788068, 0,20646055, -0,234, 0,051623486,	-0,018, -0,348, -0,1758136, 0,17306164,	0,030912668, -0,997, 0,20441152, 0,059809946,	0,23834851, 0,60612386, -0,038, 0,49,	0,53021485, 1,6, 0,0, 0,6044223,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
31	0,2779887, -0,848, 0,11134857, 0,333,	0,0010, 0,20646055, -0,234, 0,051623486,	-0,018, -0,3588846, -0,1758136, 0,8776079,	0,16, -0,997, 0,20441152, 0,059809946,	0,0, 0,60612386, -0,03806287, 0,49,	0,0, 1,6, 1,128, 0,16274868,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
32	0,333, -0,848, -0,3055985, 0,333,	-0,26788068, 0,20646055, -0,234, 0,051623486,	-0,018, -0,348, -0,1758136, 0,17306164,	0,030912668, -0,997, 0,20441152, 0,059809946,	0,23834851, 0,60612386, -0,2509614, 1,0066333,	0,53021485, 1,6, 0,0, 0,6044223,	0,125, 0,85, 0,07, 0,07
33	0,2779887, -0,848, 0,51011366, 0,16206625,	-0,07509181, 0,20646055, -0,2530393, 0,051623486,	-0,018, -0,348, -0,1758136, 0,61774755,	0,030912668, -0,997, 0,20441152, 0,059809946,	-0,09287854, 0,60612386, 0,5122121, 0,49,	0,53021485, 1,5170879, 1,128, 0,16274868,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
34	0,38, -0,663347, 0,46351364, 0,77080333, 0,38,	0,048, 0,473, 0,036, 0,052742153, 0,48123223,	-0,3940796, -0,473, 0,7265507, 0,25, -0,5108376,	0,07742862, -0,933, -0,27292597, -0,131, 1,0847898,	-0,6721165, -0,7726866, -0,2989295, 0,366, 0,14706823,	0,78503835, 1,0489769, 0,71950215, 0,004658699, 0,09960544,	0,2, 0,85, 0,07, 0,2, 0,2
35	0,23008876, -0,85, 0,081, -0,166,	0,048, 0,473, 0,036, -0,32992533,	0,021701276, -0,473, -0,20483783, 0,25,	0,145, -0,933, -0,27292597, -0,131,	0,166, -0,14590357, 0,476, -0,60953766,	-0,058, 0,99228716, 0,43431535, 0,004658699,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
36	0,23008876, -0,85, 0,081, -0,166,	0,048, 0,473, 0,036, -0,32992533,	0,021701276, -0,315252, -0,20483783, 0,25,	0,145, -0,933, -0,27292597, -0,131,	0,166, -0,14590357, 0,476, -0,60953766,	-0,18345027, 0,99228716, 0,43431535, 0,004658699,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
37	-0,3193187, -0,7632, 0,092, -0,6946271,	0,0030, 0,19769806, -1,0843841, -0,011,	-0,016, -0,2331472, 0,5500635, -0,40960497,	0,144, -0,997, 0,8069063, -0,131,	-0,06, 1,3817079, -0,031, 0,40790126,	0,0, 0,5900016, 1,129, 0,64483285,	0,333, 0,85, 0,333, 0,07

38	-0,824, -0,848,	0,281, -0,521,	-0,213, 0,356,	0,96, 0,12687767,	-0,128, 0,859,	2,5203319, -0,32321414,	0,8, 0,2
39	0,5, 0,20631745, 0,27943414, 0,47121227, 0,38,	-0,16942945, 0,0, 0,08635129, 0,024341706, 0,35325888,	-0,212, 0,0, -0,11061445, 0,0, 0,0,	0,38, 1,0019217, 0,7018152, 0,58261615, 0,38,	0,028681902, -0,32065153, 0,5, -0,15, 0,2046285,	0,34687498, -0,02, -0,20778412, -0,3, -0,3,	0,2, 0,2, 0,2, 0,2, 0,2
40	0,38, 0,38, 0,1174041, 0,47121227, 0,5029175,	-0,10589061, -0,006989202, 0,28405213, 0,024341706, 0,13398117,	-0,212, 0,4359412, 0,3783515, -0,201381, 0,0,	0,38, 0,38, 0,40398014, 0,88572484, 0,4947483,	-0,40491766, 0,573802, 0,09243694, -0,15, 0,30509698,	0,38017672, 0,48345977, -0,2556436, -0,11199705, 0,04357186,	0,2, 0,2, 0,2, 0,2, 0,2
41	-0,2952997, -0,7632, 0,124, 0,14226475,	0,033, 0,377, 0,323448, -0,0288,	-0,2204296, -0,3783515, 0,0900062, 0,0,	-0,7092184, -0,6740402, -0,44860303, 0,38,	0,30693394, -0,24, 0,8489666, 0,7724607,	-0,21628483, -0,31002554, -0,02, 0,401,	0,2, 0,85, 0,333, 0,2
42	-0,8455287, 0,002173504,	0,0183051, 0,445612,	-0,16, 0,4902771,	0,803, -0,03,	-0,182351, 0,08356889,	0,019619755, 0,1166664,	0,7967254, 0,2
43	0,8034149, 0,002099792,	0,1231647, -0,446188,	-0,16, 0,4496448,	0,803, -0,03,	-0,585, -0,08361049,	-0,0200496, -0,1166664,	0,7967254, 0,2
44	0,894, 0,14116,	0,51, 0,01441205,	-0,37526652, 0,00637333,	0,87, 0,037564993,	-0,01761, 0,217992,	0,056, 0,2830871,	0,7904852, 0,2
45	0,26745, 0,07451417, 0,128015,	0,025697, 0,6382676, -0,45,	-0,007916115, 0,9775498, 0,5740758,	0,23556422, 0,008117007, 0,0,	0,0, -0,230519, 0,3041905,	-0,0233421, 0,0349521, 0,1,	0,333, 0,333, 0,333
46	-0,17, 0,9071, 0,54219, -0,08,	-0,1, 0,36, -0,297605, 0,0,	0,0, -0,3923217, -0,0025193, 0,46,	-0,319137, 0,85, -0,08179, 0,0290989,	-0,0474735, 0,0, 0,0018223956, -0,45,	0,0, -0,20485634, 0,0, 0,181343,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
47	0,893, -0,020983,	0,0465854, 0,916,	-0,007313014, -0,235,	-0,829, 0,001206,	-0,0380354, -0,1998179,	-0,001785548, 0,7,	0,8, 0,2
48	0,5723747, 0,023137,	0,3470686, -0,4506221,	-0,7917, 0,7899597,	0,6690804, -0,00507341,	-0,023171, -0,019109076,	-0,1, 0,09014,	0,5, 0,5876915
49	0,45229, -0,1971835,	0,15083, 0,8364274,	-0,4627249, -0,431061,	0,6753, -0,2724857,	-0,029567309, -0,1,	0,0, 0,0,	0,5, 0,5876915
50	0,30125, -0,1446995,	0,23273, 0,980605,	-0,7673341, -0,4385067,	0,6753, -0,3773435,	0,02957134, -0,1,	0,0, 0,0,	0,5, 0,5876915
51	0,5456745, 0,053369,	0,479803, 0,4508285,	-0,48294407, 0,580448,	0,609892, -0,25183475,	0,023429, -0,0208977,	0,0, 0,1,	0,5, 0,5876915
52	-0,023466349, 0,011130961, -0,188863,	-0,36609, 0,8914, -0,08067853,	0,3, 0,52242, 0,0,	-0,032678142, -0,02222855, 0,6,	0,552424, 0,048596688, 0,00693309,	-0,3004834, 2,08857, -0,199928,	0,333, 0,41227216, 0,30276474
53	0,00237, 0,02375, -0,250108,	-0,406774, 0,822889, 0,1,	0,7, 0,52323, 0,0,	-0,3650111, -0,1539029, 0,4019975,	-0,8681339, -0,09281913, -0,00699955,	0,246529, 2,00465, 0,394457,	0,333, 0,41227216, 0,30276474
54	-0,4357093, 0,01265531, 0,511901,	-0,7, 0,3955659, 0,015057,	0,6533029, 0,505792, 0,1,	-0,012774075, -0,0297001, 0,1398527,	0,0055916, 0,049866, 0,004835787,	-0,17, -0,558, 0,24,	0,333, 0,29194152, 0,30276474
55	-0,136155, -0,9533146, 0,41242823, 0,18028,	8,0E-4, 0,2567893, -0,003362631, -6,0E-4,	0,0, -0,37533, 0,171243, 0,39335123,	0,022315, -0,826705, -0,003321731, -0,16536456,	0,0, 6,0E-4, -0,0560403, 0,21439853,	0,0111, -0,02669805, -0,2126309, -0,07046,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
56	-0,1278836, -0,9466617, 0,2101, -0,183562,	3,0E-4, 0,21893592, -0,002355483, -2,0E-4,	0,0, -0,4142943, 0,17735, -0,0729305,	-0,167188, -0,969177, 0,08368782, -0,188262,	-0,1, 6,0E-4, 0,0296752, 0,1115609,	0,00462321, 0,322128, -0,611, 0,4268,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
57	0,1687988, -0,9449693, 0,3134165, -0,1344,	0,0010, 0,22950356, -0,003793179, -2,0E-4,	0,0, -0,2623308, 0,177226, -0,1548475,	-0,16439588, -0,906351, 0,0829915, -0,169843,	0,0, 6,0E-4, -0,023438549, 0,0067008,	0,0061121, 0,3745653, -0,611, -0,31423,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
58	-0,1950132, -0,9466521, 0,2075, -0,174347,	-2,0E-4, 0,30314997, -0,002220315, -2,0E-4,	0,0, -0,4144711, 0,22241, -0,1475739,	-0,15703328, -0,839129, 0,08008333, -0,168803,	0,1, 6,0E-4, 0,036229, 0,1115485,	0,00199154, 0,2303345, -0,867, -0,316208,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
59	-0,965442, -0,13,	-0,05016, -0,9594165,	0,151, 0,1601181,	-0,8904795, -0,0789522,	0,492453, -0,01679527,	0,03883275, 5,635729,	0,79672694, 0,2
60	0,227, 0,92, -0,129, 0,16,	0,0010, 0,281, 0,045, -0,0080,	-1,0E-4, -0,25, -0,0037, 5,0E-4,	0,282, 0,938, 0,0070, 0,29,	0,063, 0,0, 0,045, 0,0,	-0,07, 2,0, 2,05, -0,14,	0,125, 0,85, 0,125, 0,07
61	-0,827, -0,01,	-0,0010, -0,783,	0,0, 0,187,	0,85, 0,0,	-0,041, -0,0039,	-0,0046, 2,71,	0,8, 0,2

62	0,0, 0,0, -0,4,	-0,5, 0,7, 0,0,	-0,6, -0,7, 0,0,	0,3, 0,1, -0,2,	-0,03, -0,13, 0,0,	0,013, 0,31, 0,09,	0,333, 0,85, 0,333
63	0,1, 0,0, -0,1,	-0,7, 0,7, 0,0,	0,6, -0,7, 0,1,	0,2, 0,1, -0,6,	-0,03, -0,13, 0,1,	-0,031, -0,19, 0,09,	0,333, 0,333, 0,333
64	0,0, 0,0, -0,5,	-0,5, 0,6, 0,1,	0,7, -0,5, -0,1,	0,2, 0,1, 0,6,	-0,03, -0,13, 0,0,	0,0070, 0,07, 0,03,	0,333, 0,333, 0,333
65	0,1, -0,1, -0,6,	-0,6, -0,1, 0,0,	0,7, -0,435, 0,0,	0,1, -0,0017, 0,7,	0,24, 0,11, 0,0,	-0,14, -0,05, 0,16,	0,333, 0,333, 0,333
66	0,0, 0,0, 0,5,	-0,7, 0,4, 0,0,	0,7, -0,229, -0,0,	0,1, 0,0, 0,7,	0,0, 0,0, 0,0,	-0,14, -0,09, 0,01,	0,333, 0,333, 0,333
67	0,0, -0,1, 0,7,	-0,7, 0,7, 0,0,	0,5, -0,225, 0,0,	0,1, 0,0, 0,7,	0,2, -0,1, 0,0,	-0,14, -0,09, 0,16,	0,333, 0,333, 0,333
68	0,1, -0,1, -0,6,	-0,6, -0,1, 0,0,	0,7, -0,435, 0,0,	0,1, -0,0017, 0,7,	0,24, 0,1, 0,0,	-0,14, -0,05, -0,16,	0,333, 0,333, 0,333
69	0,1, 0,0, 0,6,	-0,7, 0,4, 0,0,	-0,6, 0,321, 0,1,	0,0, -5,0E-4, -0,5,	-0,1, 0,11, 0,0,	-0,21, -0,09, -0,03,	0,333, 0,333, 0,333
70	0,48354557, -0,42443568,	0,4730689, 0,611575,	-0,46905112, -0,44522595,	0,5498426, -0,5,	-0,12860727, -0,31287503,	-0,18411393, -1,3715034,	0,5, 0,5
71	0,35302496, -0,45846248,	0,6838955, 0,42821553,	-0,5, -0,43052256,	0,39806095, -0,66043246,	-0,27, -0,19718328,	0,31211644, 0,15935633,	0,5, 0,5
72	0,56078756, -0,45846248,	0,5, 0,14220166,	-0,7435761, -0,43052256,	0,5, -0,66043246,	-0,12885366, -1,8029435,	1,8790679E-4, 0,0,	0,5, 0,5
73	0,59257215, -0,49468097,	0,5, 0,5031429,	-0,5, -0,07711032,	0,5, -0,66043246,	-0,27, -0,19924615,	0,21537372, 0,0,	0,5, 0,5
74	-0,824, -0,12,	0,112705275, -0,4689,	-0,213, 0,7049656,	-0,893, 0,99657726,	0,6628305, -0,617,	0,126, 0,0,	0,8, 0,2
75	-0,824, 0,0024957508,	0,027, -0,4689,	-0,213, 0,62844026,	-0,893, -0,123,	0,6628305, -0,617,	0,126, 0,20134798,	0,8, 0,2
76	0,5, -0,5,	0,09298137, 0,409,	-0,5, -0,51487505,	0,5, -0,5,	-0,39833674, -0,19452718,	0,0, 0,2460624,	0,5, 0,5
77	-0,825, 0,09,	0,283, 0,433769,	-0,071, 0,48877755,	-0,841, -0,301,	-0,424, -0,0040,	0,05757697, 0,34481534,	0,8, 0,85
78	0,5, 0,62947273, -0,5439236,	0,29909608, 0,24043703, 0,17204832,	-0,62988406, 0,0, -0,09730952,	0,27072874, -0,73528683, 0,5,	0,033, -0,08432033, 0,7377245,	0,28804773, -0,28924087, 0,0030,	0,333, 0,333, 0,333
79	0,30500612, 0,39649114, -0,5439236,	0,29909608, 0,24043703, 0,17204832,	-0,62988406, 0,0, 0,0,	0,09624612, 0,5, 0,5,	0,033, 0,25, 0,63829434,	-0,07528734, 0,09274691, -0,24040551,	0,333, 0,333, 0,333
80	0,00680489, -0,9725619, -0,092, 0,1231519,	-0,015114243, 0,117, 0,18, -0,01,	7,0E-4, -0,178, 0,1382519, -0,25,	-0,09464, -0,9434231, -0,034432, 0,111,	-0,17602745, 0,0, 0,0022, 0,2985795,	0,01, -0,2508677, 0,1885649, 0,0265733,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
81	-0,6111805, 0,0,	0,1068613, 0,7323153,	-0,1156315, -0,6,	0,6514671, 0,2,	0,04, -0,0273554,	0,032432918, -0,1,	0,5551658, 0,5
82	0,00726556, -0,9750178, -0,09, 0,190666,	0,0275488, 0,113, -0,08, -0,01,	0,001487013, -0,242, 0,060030364, -0,23,	-0,098, -0,9437174, 0,03571153, -0,238,	-0,16126011, 0,0, 0,0046027303, -0,0755521,	0,01, 0,307334, 0,0287799, 0,0371813,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
83	0,007388756, -1,0353487, -0,06, 0,13123904,	0,009349074, 0,305, -0,0804664, 0,0076262113,	-0,001316788, -0,082, 0,1507934, -0,09,	0,2167056, -0,9394, -0,004228243, 0,039680757,	0,11187366, -0,011589125, -8,0E-5, 0,13432287,	0,06032447, 1,242307, 0,238572, 0,241,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
84	-0,004951543, -0,8598509, -0,1, 0,103,	0,0030, -0,369, -0,168, -0,0051762555,	0,001519493, -0,369, 0,10532077, -0,25,	-0,114214264, -0,959, 0,034449, -0,238,	0,1264, 0,1, 0,0016, 0,3245833,	0,01, 0,19296002, -0,1660376, 0,15964594,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07
85	0,287, 0,14,	0,0014, 0,63,	0,0, -1,0,	0,94, -0,113,	0,0, -0,1,	0,02, -2,3,	0,333, 0,85
86	0,133309, -0,9928702, 0,100206, 0,0310049,	0,037405457, 0,1229823, -0,023085, -0,0013,	-0,058671, -0,181, -0,03, -0,0298647,	0,0, -0,997, -0,014, -0,188717,	0,04699865, -0,0017724774, 0,023649458, 0,2884765,	0,020723004, 0,452923, -0,259767, -0,449,	0,01, 0,85, 0,07, 0,07

## 2.2. Osobniki Hopalong

Wymnienione poniżej osobniki zostały wygenerowane na podstawie wzoru Hopalong Barry'ego Martina (2), (3):

$$x_{(n-1)} = y_n - \delta(x_n) \cdot \sqrt{|bx_n - c|}, \quad (2)$$

gdzie  $\delta$

$$\delta(x_n) = \begin{cases} -1 & \text{jeśli } x_n < 1 \\ 0 & \text{jeśli } x_n = 0 \\ 1 & \text{jeśli } x_n > 0 \end{cases}. \quad (3)$$

Liczba iteracji jest równa 100 000.

lp	x	y	a	b	c
1	0,0,	-0,1,	41,89831,	-6,601911,	-57,695206
2	0,0,	3,6400785,	41,89831,	-21,465229,	-11,9
3	0,0,	26,858534,	41,89831,	3,342392,	-11,9
4	42,87031,	6,0E-4,	-28,2,	2,414362,	-11,9
5	0,0,	3,6400785,	-17,613192,	2,414362,	-11,9
6	0,0,	28,348091,	41,89831,	1,6903796,	-11,9
7	5,790917,	9,694568,	-17,613192,	1,6903796,	-11,9
8	0,0,	5,49543,	-7,013097,	1,6903796,	-11,9
9	2,0E-4,	-185,94809,	10,841858,	46,0721,	40,81939
10	2,0E-4,	-132,0968,	15,938835,	46,0721,	8,306637
11	2,0E-4,	2,3384757,	-35,471733,	-10,540068,	3,5153122
12	-27,480532,	20,790972,	27,193892,	-1,0,	-5,5
13	0,0,	-0,75756073,	66,569305,	-9,94531,	-29,873856
14	0,0,	12,996385,	46,121986,	16,091934,	-8,421179
15	21,851208,	-37,745934,	-35,0,	-5,6271563,	-11,9
16	0,0,	-34,279907,	16,95636,	-5,6271563,	-19,450964
17	16,432781,	-0,1,	16,95636,	2,8634539,	-19,450964
18	-38,690792,	7,501432,	-35,0,	-5,6271563,	-11,9
19	0,30830383,	2,3211071,	-26,614574,	4,6964173,	2,113058
20	2,0E-4,	2,3211071,	37,4,	4,6964173,	2,113058
21	2,0E-4,	20,911034,	-19,359846,	2,255467,	-13,544443
22	-0,42962173,	16,25866,	-32,627743,	-10,547491,	-5,8
23	0,0,	11,246165,	-28,2,	-10,547491,	-5,8
24	69,73304,	-29,920465,	-35,0,	4,43437,	-80,0
25	2,2953844,	28,967611,	-35,1,	-11,124994,	-28,357979
26	-0,45326626,	7,2303066,	39,422657,	9,4458885,	-28,357979
27	7,280882,	-0,1,	-44,5036,	20,947151,	-41,46889
28	31,329899,	-30,657375,	-35,0,	5,989589,	-79,298706
29	0,0,	-0,1,	-35,0,	-51,911137,	-79,298706
30	0,0,	-30,657375,	-35,0,	-21,57698,	-79,298706
31	23,182724,	-88,171555,	68,68512,	-9,453809,	-168,65344
32	0,0,	-0,1,	-36,885796,	10,4752,	-15,91669
33	0,0,	6,0E-4,	-28,2,	10,4752,	-14,235773
34	0,0,	-0,1,	-44,958534,	-3,319004,	-5,8
35	-55,434605,	-2,4678175,	-35,0,	2,45364,	-80,0
36	0,0,	-2,4678175,	8,55884,	2,45364,	-80,0
37	0,0,	-2,4678175,	-35,0,	2,45364,	-80,0
38	-13,072281,	6,0E-4,	-28,2,	0,80619156,	-5,5
39	-15,964678,	6,0E-4,	-28,2,	-1,0,	-5,5
40	2,0E-4,	6,0E-4,	-17,930193,	-1,0,	-5,5
41	-8,565671,	-50,628952,	-35,1,	8,730161,	-24,76356
42	2,0E-4,	6,0E-4,	29,66751,	12,37417,	-17,67875
43	2,0E-4,	3,0988116,	-35,128376,	0,3888675,	4,6292353
44	2,0E-4,	5,914936,	-35,128376,	0,3888675,	4,6292353
45	2,0E-4,	6,0E-4,	-35,128376,	-0,2,	4,6292353
46	2,0E-4,	10,938639,	-35,128376,	-0,2,	8,310236
47	0,7042406,	6,0E-4,	-35,128376,	-0,2,	33,056915
48	2,0E-4,	6,0E-4,	-35,128376,	-0,2,	-5,8

49	36,26236,	-0,1,	37,8,	13,154282,	-67,1381
50	0,0,	-6,57387,	-2,307022,	2,915787,	-5,8
51	0,0,	4,243028,	37,8,	2,915787,	-21,512949
52	0,0,	9,136195,	37,8,	-23,790913,	9,4263
53	0,0,	5,701903,	20,618355,	-4,948811,	-11,9
54	2,0E-4,	6,0E-4,	-25,350275,	-2,0383282,	-7,2567406
55	0,0,	22,14181,	28,562263,	6,450717,	-7,2567406
56	0,0,	20,366203,	23,735836,	-0,2,	-7,2567406
57	-53,64,	-105,21,	-35,0,	-33,98957,	-119,45447
58	-53,64,	-109,1265,	-35,0,	8,3413105,	-176,24503
59	94,46166,	-56,35197,	-35,0,	-5,9042397,	-80,0
60	94,46166,	-105,21,	-35,0,	-8,336283,	-80,0
61	0,0,	1,1740341,	37,8,	23,474356,	-9,896322
62	0,0,	1,1740341,	37,8,	-1,4080849,	-5,8
63	0,0,	-0,1,	-67,64346,	12,461981,	-5,8
64	0,0,	-7,1153684,	30,421898,	-6,2219124,	-5,8
65	0,0,	19,099573,	-45,44113,	-6,2219124,	50,764874
66	0,0,	19,099573,	-45,44113,	-6,2219124,	-5,8

## 2.3. Osobniki QuadrapTwo

Przy pomocy poniższych parametrów można wygenerować atraktory QuadrapTwo Michaela Petersa zgodnie ze wzorem (4):

$$x_{(n+1)} = y_n - \delta(x_n) \cdot \sin(\ln|bx_n - c| \cdot \arctg(cx_n - b)^2). \quad (4)$$

Liczba iteracji jest równa 40 000.

lp	x	y	a	b	c
1	-10,128,	3,6940928,	0,942359,	3,215866,	5,0
2	5,906172,	-3,4219463,	0,5,	-5,668301,	-3,4
3	2,129,	-0,027,	0,942359,	0,3140087,	5,0
4	2,8444762,	1,5860611,	0,942359,	-0,060245514,	5,0
5	-10,128,	-0,027,	0,942359,	7,1411166,	9,437702
6	-10,128,	-0,027,	4,4184647,	0,3140087,	9,437702
7	-10,128,	2,6373081,	0,942359,	0,3140087,	5,0
8	-10,128,	-0,027,	10,190466,	0,3140087,	5,0
9	-0,8661301,	-0,027,	-0,3247515,	7,1411166,	5,0
10	2,129,	-22,28519,	29,175476,	-3,003238,	-0,4
11	-10,128,	-0,027,	0,8110952,	7,1411166,	11,339114
12	20,017181,	0,119,	14,970564,	7,3340654,	-6,5392995
13	3,2530963,	0,119,	10,94987,	-18,498127,	4,3
14	-0,6268501,	-0,027,	21,158438,	-12,724303,	4,3
15	-10,754163,	0,119,	6,5287056,	-10,341186,	-9,2493
16	5,425068,	-8,641539,	3,852547,	-0,8062624,	-9,351385
17	5,425068,	-5,677286,	5,421785,	7,4549932,	-9,351385
18	3,5235558,	-5,7728515,	3,852547,	0,9189489,	-14,194681
19	15,424,	-0,027,	24,250847,	-2,184041,	2,2672334
20	15,424,	-11,302256,	7,571086,	-22,821468,	2,2672334
21	15,424,	-20,587076,	0,942359,	6,6996593,	9,237751
22	22,74073,	-0,027,	24,250847,	-1,8,	2,2672334
23	15,424,	-0,027,	24,250847,	-3,6343298,	-0,954777
24	-12,580074,	-7,6611238,	24,250847,	-22,821468,	2,2672334
25	22,74073,	-7,6611238,	24,250847,	-22,821468,	2,2672334
26	16,301369,	-13,428,	-5,1817646,	-1,8,	1,2704707
27	0,29595077,	-4,0713243,	0,5,	-2,187,	-0,4
28	-1,6965656,	-6,262,	0,5,	-2,187,	13,866598
29	16,423573,	-6,262,	-21,49166,	9,761654,	-0,4
30	16,423573,	-2,6739907,	22,307402,	-3,1732516,	26,952534
31	24,047867,	-0,027,	-41,211185,	6,747024,	-18,596767
32	-29,3905,	15,474984,	-25,489,	6,747024,	-66,577896
33	-10,128,	13,826,	22,307402,	-2,187,	-3,4
34	8,4,	2,5837827,	0,67715,	-1,8,	4,3
35	26,401335,	-0,61350584,	-35,3,	-14,010195,	-0,42366934

36	-5,4795923,	-4,3104305,	0,942359,	-0,02,	-0,11919451
37	15,424,	-5,8396087,	29,31496,	-36,983936,	-1,847404
38	15,424,	-4,3104305,	0,942359,	-36,983936,	-1,847404
39	-10,128,	34,33439,	29,141508,	3,5342333,	20,878098
40	15,424,	-5,8396087,	0,942359,	-31,920025,	-1,847404
41	15,424,	-5,8396087,	0,942359,	-36,983936,	7,011414
42	15,424,	-4,3104305,	29,31496,	-36,983936,	-1,847404
43	13,522778,	4,663096,	6,8546906,	-1,3667612,	1,1903358
44	-0,3153658,	16,007853,	22,307402,	8,268485,	-0,64954853
45	-10,128,	4,456375,	22,307402,	17,51015,	-3,3964467
46	8,16749,	0,6364527,	22,307402,	23,106403,	18,26284
47	-10,128,	3,8547382,	22,307402,	22,27865,	-0,64954853
48	-10,128,	-7,510565,	10,213715,	17,51015,	-3,3964467
49	2,129,	7,349103,	29,175476,	-3,003238,	-16,19051
50	2,129,	-0,027,	29,175476,	-3,003238,	-0,4
51	-19,03957,	3,545937,	25,312798,	16,775948,	-16,19051
52	2,129,	-13,087486,	29,175476,	2,71723,	-16,19051
53	2,0249138,	-6,262,	-53,113075,	9,645898,	4,559079
54	6,4466057,	-6,262,	-0,7726791,	-1,1123396,	7,2920513
55	1,6147778,	-10,755803,	25,075022,	-8,48689,	-1,1846261
56	-0,58376884,	-11,688042,	-53,113075,	-48,974003,	-3,7237678
57	2,1909294,	-6,262,	-53,113075,	9,645898,	1,6411498
58	-0,58376884,	-6,262,	-53,113075,	9,645898,	1,6411498
59	1,6147778,	-4,1010456,	-53,113075,	-1,1123396,	-1,1846261
60	5,749636,	-1,1287593,	-8,0667095,	-3,8829677,	-0,06085348
61	5,749636,	-8,311802,	2,9419825,	-2,187,	-0,06085348
62	6,0492396,	-6,262,	0,942359,	-0,64051104,	-13,237173
63	6,0492396,	-6,262,	11,43849,	3,9463315,	-13,237173
64	4,5225983,	-6,262,	0,942359,	2,7407062,	-17,51081
65	4,5225983,	-6,262,	0,942359,	3,9463315,	4,3
66	-3,8149927,	-44,615673,	0,4769716,	6,751745,	-0,4
67	7,5103984,	-6,262,	-5,0126305,	7,4059515,	7,0937247
68	5,8056574,	-6,262,	-24,43181,	-7,133664,	0,7644261
69	2,6609154,	-44,615673,	0,4769716,	10,673983,	-0,4
70	12,101141,	-12,564375,	14,833554,	2,339009,	-5,188327
71	-1,3849472,	-0,027,	0,5,	0,028105259,	-5,188327
72	9,666715,	-12,564375,	5,9514227,	0,75720525,	-5,188327
73	8,721375,	-12,564375,	12,468555,	7,1838017,	-5,188327
74	9,666715,	-12,564375,	5,9514227,	7,1838017,	-5,188327
75	-1,9190557,	-13,428,	-7,3465147,	-1,8,	-8,866903
76	9,666715,	-12,564375,	0,5,	0,111784935,	-5,188327
77	6,703,	-16,59058,	32,96944,	-1,8,	5,4
78	6,703,	-12,314583,	28,827168,	0,018,	5,4
79	-1,0361795,	-16,59058,	22,494343,	-1,8,	5,4
80	0,6069679,	-12,314583,	28,827168,	-1,8,	5,4
81	19,042446,	-12,314583,	28,827168,	0,018,	0,43339825
82	-2,6604967,	-16,59058,	32,96944,	-1,8,	27,05376
83	6,703,	-0,027,	7,554489,	-0,8214884,	-9,61721
84	10,201639,	-0,027,	7,2137117,	-0,02,	-9,61721
85	9,124337,	-0,027,	0,942359,	10,647924,	-0,020113945
86	13,810081,	-0,027,	6,5594482,	31,038578,	-9,61721
87	2,274244,	-13,168112,	-35,3,	0,62299347,	33,753815
88	2,274244,	-12,323151,	8,216766,	0,62299347,	15,310583
89	2,274244,	3,7737846,	-35,3,	0,62299347,	15,310583
90	2,129,	-13,168112,	-35,3,	11,607752,	33,753815
91	9,991999,	-54,27664,	-35,3,	10,411936,	15,310583
92	2,129,	1,182147,	-35,3,	-1,8,	-0,93171895
93	9,991999,	-12,323151,	-35,3,	10,411936,	15,310583
94	2,274244,	-21,4927,	-35,3,	0,62299347,	15,310583
95	9,329181,	-12,323151,	8,216766,	0,62299347,	15,310583
96	2,274244,	-21,4927,	-35,3,	11,607752,	15,310583
97	-4,6690836,	-20,52029,	-35,3,	-1,8,	-0,4
98	0,4914055,	-13,428,	-35,3,	9,520008,	16,94094
99	7,577936,	-16,282246,	-44,340637,	-1,8,	-0,4
100	10,544174,	-16,282246,	-35,3,	-1,8,	-0,4
101	7,577936,	-16,282246,	-35,3,	-1,8,	-0,4
102	25,994642,	-28,464756,	-35,3,	-1,8,	21,384602
103	43,05973,	-18,93151,	-35,3,	10,477608,	-0,4
104	10,544174,	-13,428,	-35,3,	45,72158,	19,169209
105	10,544174,	-18,93151,	-35,3,	10,477608,	-0,4
106	7,577936,	-28,464756,	-35,3,	-1,8,	16,94094
107	7,577936,	-31,935543,	-35,3,	-1,8,	16,94094
108	15,277963,	-13,428,	-35,3,	9,520008,	16,94094
109	10,544174,	-18,93151,	-82,4288,	45,72158,	-0,4
110	-4,6690836,	-15,360516,	-35,3,	-1,8,	27,313639
111	-0,88738155,	-13,428,	0,5,	-1,8,	16,491932
112	-0,88738155,	-13,428,	0,5,	-0,4365635,	5,0

113	5,696353,	0,020307487,	-0,17715484,	-0,19136405,	-3,4
114	8,759041,	-2,2471552,	0,5,	0,018,	3,3372412
115	3,8857372,	-2,2471552,	0,5,	0,018,	3,3372412
116	1,0076339,	-12,730582,	0,5,	-0,012091517,	5,001089
117	-5,2967825,	17,395607,	2,342963,	-8,350134,	-5,3320475
118	8,4,	-8,693605,	-35,3,	-2,187,	5,0
119	-10,128,	13,826,	-35,3,	-2,0,	4,0369787
120	-10,128,	13,826,	-35,3,	11,203286,	-0,4
121	-10,128,	13,826,	-35,3,	-2,0,	-38,012306
122	-27,564144,	13,826,	-103,74388,	-2,187,	-12,766411
123	-10,128,	13,826,	-35,3,	-2,0,	-0,4
124	2,129,	-6,262,	6,7096524,	-1,8,	-0,93434215

## 2.4. Osobniki Gumowski-Mira

Wszystkie wymienione poniżej osobniki systemów dynamicznych wykonuje się zgodnie ze wzorem (5), gdzie *funkcja* jest zmienna dla każdego rodzaju systemu i poprzedza wypisane parametry osobników:

$$\begin{aligned} x_{(n+1)} &= by_n + \textit{funkcja} \\ y_{(n+1)} &= \textit{funkcja} - x_{(n+1)} \end{aligned} \quad (5)$$

Osobniki o numerze porządkowym 6 wygenerowane w oparciu o wzór (6):

$$\textit{funkcja} = ax_n - \frac{x_n}{a + x_n} + \arctg(ax_n) \quad (6)$$

lp	x	y	a	b
1	10,059,	9,941,	0,5393102,	1,0
2	-1,8265724,	9,941,	-0,6431016,	1,0
3	10,059,	12,758743,	-0,32381776,	1,0
4	10,059,	19,805279,	-0,49910784,	1,0
5	-14,482312,	7,2369814	-0,6431016,	1,0
6	-12,797963,	9,941	-0,6431016,	1,0
7	7,077802,	-1,7921257	0,22509676,	1,0
8	10,0,	6,496546,	-0,49910784,	1,0
9	10,0,	10,0	-0,6994197,	1,0
10	10,0,	0,8484621,	-0,6431016,	1,0
11	-3,1039248,	9,941	-0,6431016,	1,0

Osobniki o numerze porządkowym 7 wygenerowane w oparciu o wzór (7):

$$\textit{funkcja} = ax_n + \arctg|x_n - a| \quad (7)$$

lp	x	y	a	b
1	-3,243,	10,0,	-0,6431016,	1,0
2	-5,4790583,	-0,3177433,	0,88312906,	1,0
3	-6,5029516,	-0,3177433,	0,88312906,	1,0
4	2,880423,	-1,493142,	0,6840219,	1,0
5	-3,243,	10,0,	-0,68142897,	1,0
6	14,373903,	10,0,	-0,38581002,	1,0
7	10,059,	4,802212,	-0,49910784,	1,0
8	-0,11798191,	10,0,	0,22876728,	1,0
9	-1,1464922,	-2,247711,	0,3817942,	1,0
10	-3,243,	-2,247711,	0,5638613,	1,0
11	-3,243,	7,355034,	0,3817942,	1,0
12	0,121135235,	5,335042,	0,3359738,	1,0
13	-2,3002336,	0,35850483,	-0,01866281,	1,0

14	-0,59012985,	1,3072252,	-0,88220876,	1,0
15	-3,243,	6,4010434,	0,18911779,	1,0
16	-3,243,	7,421933,	0,5950652,	1,0
17	10,0,	4,989,	0,3288046,	1,0
18	-3,243,	-5,1005363,	0,2906536,	1,0
19	-3,243,	4,110363,	0,24749482,	1,0
20	0,42275238,	7,1276207,	0,06347036,	1,0

Osobniki o numerze porządkowym 10 wygenerowane w oparciu o wzór (8):

$$funktja = ax_n + \arctg \frac{x_n^2}{1 + ax_n + ax_n^2} . \quad (8)$$

lp	x	y	a	b
1	-1,769249,	29,615452,	-0,6431016,	1,0
2	14,627626,	10,0,	-0,11347875,	1,0
3	3,8484836,	0,7771292,	0,13080406,	1,0
4	4,6889434,	-3,7084656,	-0,6431016,	1,0
5	-7,800532,	8,727,	-0,27524254,	1,0
6	-4,9442453,	8,835484,	-0,49910784,	1,0
7	15,088697,	0,31360245,	-0,6431016,	1,0
8	-3,835254,	4,001451,	-0,05881977,	1,0
9	-3,243,	9,300865,	-0,5793867,	1,0
10	10,059,	13,608322,	-0,6431016,	1,0
11	-6,565716,	8,261126,	-0,6431016,	1,0
12	15,804517,	22,021648,	-0,21855992,	1,0

Osobniki o numerze porządkowym 15 wygenerowane w oparciu o wzór (9):

$$funktja = ax_n + \arctg(a^2 - x_n^2) . \quad (9)$$

lp	x	y	a	b
1	5,3053584,	1,5281239,	-0,07056433,	1,0
2	3,4554138,	9,941,	-0,49910784,	1,0
3	-3,4554138,	3,0136533,	-0,6431016,	1,0
4	10,059,	9,941,	0,42528605,	1,0
5	-2,926219,	9,941,	0,63082135,	1,0
6	10,0,	-3,2246523,	0,7101289,	1,0
7	3,6318064,	10,544565,	0,32492852,	1,0
8	-3,243,	15,912222,	-0,3842674,	1,0
9	10,059,	2,2675762,	0,11299235,	1,0
10	7,3446937,	21,028986,	-0,7616035,	1,0
11	4,4935217,	9,941,	0,8425228,	1,0
12	14,074961,	9,941,	0,79846334,	1,0
13	1,4556046,	4,792492,	-0,3375433,	1,0
14	1,4556046,	3,6867442,	0,30087495,	1,0
15	1,7568979,	-0,5099039,	0,2504213,	1,0

Osobniki o numerze porządkowym 17 wygenerowane w oparciu o wzór (10):

$$funktja = \frac{ax_n^2}{1 + |x|} . \quad (10)$$

lp	x	y	a	b
1	10,0,	10,0,	-0,6994197,	1,0
2	10,0,	10,0,	-0,97195673,	1,0
3	23,982403,	20,134407,	-0,6994197,	1,0
4	-1,9226333,	8,727,	-0,59758985,	1,0
5	10,0,	11,696658,	-0,9100958,	1,0
6	10,0,	10,0,	-0,602926,	1,0



7	10,0,	10,0,	-0,03305024,	1,0
8	10,0,	12,116153,	-0,7110027,	1,0
9	10,0,	10,0,	0,8065663,	1,0
10	9,767669,	10,0,	-0,56966025,	1,0
11	10,059,	14,208471,	-0,56966025,	1,0
12	10,0,	10,0,	-0,74360085,	1,0
13	-3,3396373,	-1,4499874,	-0,6994197,	1,0
14	4,545965,	40,41296,	-0,6994197,	1,0

Osobniki o numerze porządkowym 21 wygenerowane w oparciu o wzór (11):

$$funkcja = ax_n - \arctg(a^2 - x_n). \quad (11)$$

lp	x	y	a	b
1	-3,243,	10,0,	-0,49910784,	1,0
2	-3,243,	10,0,	0,68096495,	1,0
3	10,0,	12,542383,	-0,6994197,	1,0
4	10,059,	23,472683,	-0,8985991,	1,0
5	14,066847,	13,722169,	-0,6994197,	1,0
6	10,0,	8,727,	-0,98162454,	1,0
7	8,61858,	16,45015,	-0,0406453,	1,0
8	13,401593,	8,727,	0,973888,	1,0
9	-6,5636463,	12,112385,	-0,8689624,	1,0
10	-3,243,	11,561154,	-0,19261944,	1,0
11	1,5422983,	8,727,	-0,6994197,	1,0
12	10,0,	3,6153798,	0,7570386,	1,0
13	-3,243,	0,28792095,	-0,6431016,	1,0
14	-3,243,	0,28792095,	-0,4478934,	1,0
15	-3,243,	-0,8194759,	-0,6431016,	1,0
16	-0,33698106,	-1,1327466,	-0,6431016,	1,0

Osobniki o numerze porządkowym 29 wygenerowane w oparciu o wzór (12):

$$funkcja = ax_n - \frac{1 - 2ax_n + a^2 \cdot x^2}{1 + a^2 x_n + x^2}. \quad (12)$$

lp	x	y	a	b
1	10,059,	6,3914156,	-0,6994197,	1,0
2	-3,243,	9,116701,	0,6455279,	1,0
3	10,884638,	6,3914156,	0,65459555,	1,0
4	-3,5083668,	9,941,	0,57934195,	1,0
5	-1,3770037,	8,201115,	0,5322474,	1,0
6	-3,243,	1,5877433,	0,37078732,	1,0
7	-3,243,	-0,8310499,	-0,32324252,	1,0
8	-3,243,	1,5877433,	0,5162673,	1,0
9	-1,1892928,	1,5396996,	-0,058936894,	1,0
10	-3,3786135,	1,2257631,	-0,30222532,	1,0
11	-3,243,	-1,6085845,	-0,6994197,	1,0
12	-3,243,	-1,6085845,	-0,42258754,	1,0
13	-4,1415834,	4,077237,	-0,6431016,	1,0
14	-4,1415834,	7,9544487,	-0,6431016,	1,0
15	-3,243,	2,5263772,	0,6455279,	1,0
16	10,0,	9,941,	0,55442834,	1,0
17	-3,243,	2,3395343,	-0,6431016,	1,0
18	-3,243,	2,3395343,	-0,71936125,	1,0
19	11,313526,	10,0,	0,52720577,	1,0
20	2,6239924,	10,0,	0,67717296,	1,0
21	-3,243,	2,1039233,	0,5429606,	1,0
22	-3,243,	2,1039233,	-0,41374648,	1,0
23	-3,8842824,	-1,2667437,	-0,6994197,	1,0
24	-2,9904537,	-1,2667437,	-0,6994197,	1,0
25	10,0,	10,0,	0,9086984,	1,0
26	12,249638,	10,0,	0,9086984,	1,0
27	-1,4854916,	-2,1571639,	0,26106977,	1,0
28	-1,4854916,	-1,2225904,	-0,8438258,	1,0
29	-21,21703,	-9,845083,	-0,41316697,	1,0

30	-3,243,	12,626322,	0,76957816,	1,0
31	-3,243,	4,603778,	0,76957816,	1,0
32	-3,243,	1,2219229,	0,286246,	1,0
33	-1,7302092,	1,2219229,	-0,53086233,	1,0
34	-2,2265894,	1,2219229,	-0,3303933,	1,0
35	13,820517,	21,528423,	0,822078,	1,0
36	10,0,	19,159626,	0,822078,	1,0
37	10,0,	8,727,	0,822078,	1,0
38	10,0,	21,528423,	0,822078,	1,0
39	8,569313,	3,5349908,	-0,31982923,	1,0
40	-8,305506,	9,941,	0,7803519,	1,0
41	-3,243,	9,941,	0,7803519,	1,0

Osobniki o numerze porządkowym 32 wygenerowane w oparciu o wzór (13):

$$funkcja = \left| \frac{ax_n - x^2 - a}{x^2 + 1} \right|. \quad (13)$$

lp	x	y	a	b
1	-3,243,	3,9547768,	-0,6994197,	1,0
2	-2,7093213,	3,9547768,	-0,6994197,	1,0
3	-2,7093213,	3,5958548,	-0,6994197,	1,0
4	-3,243,	0,7128906,	-0,6994197,	1,0
5	10,0,	4,05044,	-0,49910784,	1,0
6	-1,1797266,	7,9801216,	0,8773092,	1,0
7	10,0,	18,139679,	-0,49910784,	1,0
8	14,998919,	8,727,	0,07392496,	1,0
9	-3,243,	18,167255,	0,37207776,	1,0
10	14,422757,	10,0,	0,37207776,	1,0
11	10,0,	8,727,	-0,6994197,	1,0
12	1,8549061,	3,6268625,	0,17041862,	1,0
13	1,8549061,	8,996947,	0,17041862,	1,0
14	3,3558044,	-3,9384294,	-0,49910784,	1,0
15	16,10646,	5,9408774,	-0,49910784,	1,0
16	10,0,	2,5200958,	-0,21297443,	1,0
17	-3,243,	7,623968,	0,13237077,	1,0
18	-2,8384168,	11,017828,	0,011914074,	1,0
19	-3,243,	-1,5669146,	0,13237077,	1,0

## 2.5. Osobniki Gumowski-Mira wygenerowane przy różnej liczbie iteracji.

10 000 iteracji

lp	x	y	a	b
1	-19,050783,	10,0,	-0,6994197,	1,0
2	10,0,	15,768019,	-0,6994197,	1,0
3	10,0,	10,0,	-0,6994197,	1,0
4	8,611971,	9,941,	-0,6431016,	1,0
5	8,080811,	9,909552,	-0,6431016,	1,0
6	10,059,	2,1041546,	-0,6431016,	1,0

60 000 iteracji

lp	x	y	a	b
1	10,059,	9,941,	-0,6994197,	1,0
2	10,059,	0,5657625,	-0,6431016,	1,0
3	1,6357985,	9,941,	-0,6431016,	1,0
4	10,059,	8,727,	0,1948306,	1,0
5	16,368225,	13,119203,	-0,6431016,	1,0
6	10,059,	12,766483,	-0,6431016,	1,0

## 80 000 iteraciji

lp	x	y	a	b
1	10,059,	10,619187,	-0,6994197,	1,0
2	-3,0022738,	9,941,	-0,6431016,	1,0
3	6,0363965,	8,727,	-0,49910784,	1,0
4	-1,1378293,	0,6336148,	-0,49910784,	1,0
5	9,707592,	6,9173374,	-0,47650385,	1,0
6	10,0,	9,941,	0,42977214,	1,0

## 150 000 iteraciji

lp	x	y	a	b
1	0,0059480667,	9,941,	-0,6431016,	1,0
2	1,5851283,	19,307003,	-0,49910784,	1,0
3	14,742903,	9,941,	0,10131419,	1,0
4	9,479886,	9,941,	-0,6431016,	1,0
5	21,375593,	8,727,	-0,49910784,	1,0
6	10,059,	9,125377,	-0,68707585,	1,0

## 200 000 iteraciji

lp	x	y	a	b
1	10,059,	12,550602,	-0,6431016,	1,0
2	10,059,	11,671606,	-0,6431016,	1,0
3	8,952007,	3,6885214,	-0,49910784,	1,0
4	10,059,	12,470507,	-0,49910784,	1,0
5	10,059,	11,61862,	-0,6431016,	1,0
6	18,475632,	9,941,	-0,49910784,	1,0

## 300 000 iteraciji

lp	x	y	a	b
1	8,075947,	9,941,	-0,6431016,	1,0
2	10,059,	6,450009,	-0,6431016,	1,0
3	-0,115465105,	-1,173645,	-0,4462939,	1,0
4	17,77047,	9,941,	-0,6431016,	1,0
5	6,3322363,	8,727,	-0,49910784,	1,0
6	6,3322363,	17,728157,	-0,49910784,	1,0

## 500 000 iteraciji

lp	x	y	a	b
1	10,059,	12,769823,	-0,49910784,	1,0
2	11,221644,	9,941,	-0,49910784,	1,0
3	10,771604,	9,941,	-0,6431016,	1,0
4	10,059,	1,2362127,	-0,6431016,	1,0
5	10,059,	9,941,	-0,6431016,	1,0
6	10,059,	1,6811361,	-0,6431016,	1,0

## 1 000 000 iteraciji

lp	x	y	a	b
1	10,059,	9,941,	-0,6431016,	1,0
2	10,0,	7,832433,	-0,49910784,	1,0
3	4,729312,	12,443972,	-0,6431016,	1,0
4	10,059,	13,879074,	-0,49910784,	1,0
5	10,059,	8,727,	-0,49910784,	1,0
6	10,059,	9,941,	0,014504671,	1,0